












**METHOD FOR PRODUCING KETOCAROTENOIDS BY CULTIVATING GENETICALLY MODIFIED ORGANISMS****Publication number:** WO2004063366**Publication date:** 2004-07-29**Inventor:** STEIGER SABINE (DE); SANDMANN GERHARD (DE)**Applicant:** BASF AG (DE); STEIGER SABINE (DE); SANDMANN GERHARD (DE)**Classification:**

**- international:** A23K1/16; A23L1/275; A23L1/28; A23L1/30; C07K14/37; C12N1/14; C12N15/74; C12N15/80; C12P5/02; C12P23/00; A23K1/16; A23L1/27; A23L1/28; A23L1/30; C07K14/37; C12N1/14; C12N15/74; C12N15/80; C12P5/00; C12P23/00; (IPC1-7); C12N9/00; C12N5/04; C12N9/02; C12P23/00






**- european:** A23K1/16C; A23L1/275B2; A23L1/28; A23L1/30B; C07K14/37; C12N1/14; C12N15/74; C12N15/80; C12P5/02; C12P23/00

**Application number:** WO2003EP14876 20031224**Priority number(s):** DE20031000849 20030109**Also published as:**

 EP1585813 (A1)  
 US2006053513 (A1)  
 RU2005125263 (A)  
 MXPA05007372 (A)  
 EP1585813 (A0)  
 DE10300649 (A1)  
 CN1759174 (A)  
 CN1759173 (A)  
 CN1735686 (A)  
 CA2512151 (A1)  
 AU2003294001 (A1)

less &lt;&lt;

**Cited documents:**

 EP0735137  
 WO9907887  
 WO99061652  
 WO03012056  
 WO03080849

more &gt;&gt;

**Report a data error here****Abstract of WO2004063366**

The invention relates to a method for producing ketocarotenoids by cultivating genetically modified organisms that have a modified ketolase activity in relation to the wild type. The invention also relates to said genetically modified organisms, and to the use of the same as foodstuff and animal feed and for the production of ketocarotenoid extracts.

## NUCLEOTIDE SEQUENCE ORF 38 (785 bp)

HsHsc70Sequence ORF 38 (785 bp)

TTGAATTTTGGATGAACAGATTAGGTATTATTTGGCAATAGAGCAATTAGTGTCTAAA-  
 GAAGATAGTGGTTTGGGGGGGCTGTTGATTTGTCTAGTAAATTATTTAGTGTCTTTGGATAGC-  
 TAGTTTGGCTTTTGTAGTGTCTTAATATATGCGCAAAATCCCAATTTGGTGAAGCTATTG-  
 CATTGTTTGGCAATGTCTTTATACAGGGGTATTATTACTGCAATGATGCTATG-  
 CATGGGTGAGTTATCGTAAATATCCCAAAATTAATATTATATCGTTTCAATAGATG-  
 TAGGGGTATTAGGTGTGTTCGATATGACAGATGTTAAAGAAATATGTGTGAT-  
 CATCGTATGCTGTAGCAGCTGTGACGATTTTATCATATGTTAGAGAAAGAGAGG-  
 TATTTTGTGATGCTGATTTATGATAGTAAATATGCTGATTTGGCAGCATTAATATGATC-  
 TAAGTATGCTATTATTTAGCTAAATAGGTTTGGCAGCATGATCAATATATCTCATCT-  
 TATTTGGAGTATGCTGCTGATTTTATGTTTGCATTGCACTGTTTATTATGGAA-  
 GATTTTGGGTCATGAGAAACCGAAGAAATATGTTTATCGCGATGAGGCAAGAA-  
 TAAATTTGCGAAGTTTATTTGTGATTTATGCTTGGTATCGACTTGGTTATCATGAAAGCAT-  
 CATGAGTATCGGAGATGACCTTGGTGGAGCTTGCATCTATATAGCGAGAGATATT-  
 CAGCAATTCAGTAGGATTTGCTAA

## NUCLEOTIDE SEQUENCE ORF 148 (759 bp)

HsHsc70Sequence ORF 148 (759 bp)

GTGATCCAGTTTAGAACACCGACTGATGATGAGCAAGCAAACTGATCGAGTATGAGAGTA  
 AATCTCAGTTTAAAGGGCTTTTCAATGCTATTGTCTATTATGCGGATGAGGTCATTAGCGTG  
 AGTTTATTACTTTGGCTTGCATGCTGAAAGCTAAATTTGATGTATTGGCTGTTATACGTA  
 TGGCAAGATTTTATATACGGGATTAATTATGATATGATGATGCGATGATGATGCTGATG-  
 TATTGGGTTAAAGACGAGATTAAGGATTTGATTGAGCATTAAGCGCTATGCGCTT-  
 TATGGCTTTTACGATGCAAAAGCTTTGAAAGCATGTTTACGCGAGCATACCA-  
 CAGGTCATAGAGCGGATTTTGATGATGCTGAAAGCAGCAAGTTTGTGGCTTGG-  
 TATTTGATTTATGAAAGCTTACTGAGTTGGGGGCAAAATATTTGGTGTGATTAATT-  
 TATAGCTTGTGCAATACATGCTGATTCGAGTATGCAATTAATGCTTATGCTTTTGGTGG-  
 TAGGCTGGCTTTAATGTTGATGATTAATCTATTCTATTGCTGCTTTTACCGCATAGT-  
 GAGCATAGAGGGGTTATGTTGAGGCTCATTTGGCGCAAGCATTAAGCGGTGC-  
 TATTGTGTGCTATTATGAGCTGCTATGTTGGGTCAGAGAGGAGCATCAAGAA-  
 TATGCTGATTTCTGGTGGGATTAGCAAGATTTACAAAGCAAAATAG

Data supplied from the *esp@cenet* database - Worldwide

(12) NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES  
PATENTWESENS (PCT) VERÖFFENTLICHTE INTERNATIONALE ANMELDUNG

(19) Weltorganisation für geistiges Eigentum  
Internationales Büro



(43) Internationales Veröffentlichungsdatum  
29. Juli 2004 (29.07.2004)

PCT

(10) Internationale Veröffentlichungsnummer  
WO 2004/063366 A1

(51) Internationale Patentklassifikation<sup>7</sup>: C12N 9/00,  
9/02, C12P 23/00, C12N 5/04

(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/EP2003/014876

(22) Internationales Anmeldedatum:  
24. Dezember 2003 (24.12.2003)

(25) Einreichungssprache: Deutsch

(26) Veröffentlichungssprache: Deutsch

(30) Angaben zur Priorität:  
103 00 649.4 9. Januar 2003 (09.01.2003) DE

(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten mit Ausnahme  
von US): BASF AKTIENGESELLSCHAFT [DE/DE];  
67056 Ludwigshafen (DE).

(72) Erfinder; und  
(75) Erfinder/Anmelder (nur für US): STEIGER, Sabine  
[DE/DE]; Händelstr. 5, 64291 Darmstadt (DE); SAND-  
MANN, Gerhard [DE/DE]; Goldackerweg 12B, 61440  
Oberursel (DE).

(74) Gemeinsamer Vertreter: BASF AKTIENGE-  
SELLSCHAFT; 67056 Ludwigshafen (DE).

(81) Bestimmungsstaaten (national): AE, AG, AL, AM, AT,  
AU, AZ, BA, BB, BG, BR, BW, BY, BZ, CA, CH, CN,  
CO, CR, CU, CZ, DE, DK, DM, DZ, EC, EG, ES, FI,  
GB, GD, GE, GH, GM, HR, HU, ID, IL, IN, IS, JP, KE,  
KG, KP, KR, KZ, LC, LK, LR, LS, LT, LU, LV, MA, MD,  
MG, MK, MN, MW, MX, MZ, NI, NO, NZ, OM, PG, PH,

[Fortsetzung auf der nächsten Seite]

(54) Title: METHOD FOR PRODUCING KETOCAROTENOIDS BY CULTIVATING GENETICALLY MODIFIED ORGAN-  
ISMS

(54) Bezeichnung: VERFAHREN ZUR HERSTELLUNG VON KETOCAROTINOIDEN DURCH KULTIVIERUNG VON GE-  
NETISCH VERÄNDERTEN ORGANISMEN

NUCLEOTID SEQUENZ ORF 38 (789 bp)

Nucleotide sequence ORF 38 (789 bp)

TTGAATTTTGTGATAAGCAAGTATGATATGTTGCAATAGAGCAATTAAGTGTAA-  
GAAGATAGCTTTTGGGGCTGGTATGTCATAGTATTTATAGCTTTGGGTAGC-  
TAGTTTGGCTTTTACTAGCTATTAAATAGCCAAAGTCCCAATTTGGTATACCTATTG-  
CATAGTTTGGCAATTTGCTTTATACAGGGCTATTATTACTGCACATGATGATG-  
CATGGTCACTTATGATGATAAATCCCAAAATTAATTTTATGGTTCAGTACGTG-  
TAGCGCTTTAGCGCTTTTTCGATAGCAAGATGTTAAGATCATCTTGGTTCAT-  
CATCGTATCTCGTACGCAAGTATGACAGATTTTCATGATGATAGAGCAAAAGCG-  
TATTTTGGTATCTCCATTCATGATAGAACTACTCGAGTTGGCAAGATTAATAGTAC-  
TAATCATGCTATTAAATAGCAATACGTTTGGCAATCCATCAATTAATGTCATCT-  
TATTTGGAGTATTCGCAATTTAAGTTCGATCAAGCTTTTATTTGGGA-  
CATTTTGGCTCATGAGAACCAAGAAAGATATGTTATGCCATTGCGAGCAAAACA-  
TAAATAGGCCAAGTTTGTGCTATTATGCGTTGCTACCACTTTGGTATCATGAGAACAT-  
CATGAGTATCCCATGACCTGGTGGTGGCAACTTCCATCTGATATAGCAGAGATATT-  
CAACATTCATGATACCAATTCGTA

NUCLEOTIDE SEQUENCE ORF 148 (789 bp)

Nucleotide sequence ORF 148 (789 bp)

GTGATCAGATTAGAACACCACTGATCAAGCAAACTBACTCCAGTACTGAGAAGTA  
AATCGAGTTTAAAGGGCTTTTCAATGCTATTGTCTATTAGCGATGGGTATAGCGTG  
AGTTATTATCTTTCGCTTGCATCTCAAGGCTAAATTTTGGATGTTATTGCTGTTATACCTA  
TGGCAAACTTTTATATACGAGTATTATTATACATCTCAATGATGCTGATGAGTATG-  
TATTTCCCAAAACCAAGATTAATCATTTTATGGAAGTATGAGGATACCGTATCGCTT-  
TATGGCTTTTACCATATCAAAAGTATTGAAAGACATTTGTTACAGACACGCAATCAAG-  
CAAGCTCAATAGACCGGATTTTCAATAGTGAAGACCAAGTTTCTTGGTGG-  
TATTTTCAATTTAAGAGGTTACTGAGTGGGAGGCAATTAATGCTTGAATATTATT-  
TATAAGTTTGCATAATACATACATCCATCCCAAGTGAATCTACTACTTATTTGGGTGCG-  
TAACCTCGCTTTAAGTTTCAATCAATATTGCTTTTGGTACTTTTACCGCATAGT-  
GAACCAATAGGGGTTATGTTGAGGCTCATTTGGCCAAATTAAGCGCTC-  
TATTTGGTGGTCAATTCAGCTGCTCATTTTGGCTACAGAGGAACATCAGAA-  
TATCTCATATTCTTGGTGGAGTTACGAGAATTTACAAAGCAATAG

(57) Abstract: The invention relates to a method for  
producing ketocarotenoids by cultivating genetically  
modified organisms that have a modified ketolase ac-  
tivity in relation to the wild type. The invention also  
relates to said genetically modified organisms, and to  
the use of the same as foodstuff and animal feed and  
for the production of ketocarotenoid extracts.

(57) Zusammenfassung: Die vorliegende Erfindung  
betrifft ein Verfahren zur Herstellung von Ketocaroti-  
noiden durch Kultivierung von genetisch veränderten  
Organismen, die im Vergleich zum Wildtyp eine  
veränderte Ketolase-Aktivität aufweisen, die  
genetisch veränderten Organismen, sowie deren  
Verwendung als Nahrungs- und Futtermittel und zur  
Herstellung von Ketocarotinoidextrakten.

WO 2004/063366 A1



PL, PT, RO, RU, SC, SD, SE, SG, SK, SL, SY, TJ, TM, TN,  
TR, TT, TZ, UA, UG, US, UZ, VC, VN, YU, ZA, ZM, ZW.

- (84) **Bestimmungsstaaten (regional):** ARIPO Patent (BW, GH, GM, KE, LS, MW, MZ, SD, SL, SZ, TZ, UG, ZM, ZW), eurasisches Patent (AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM), europäisches Patent (AT, BE, BG, CH, CY, CZ, DE, DK, EE, ES, FI, FR, GB, GR, HU, IE, IT, LJ, MC, NL, PT, RO, SE, SI, SK, TR), OAPI Patent (BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, GQ, GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG).

**Veröffentlicht:**

- mit *internationalem Recherchenbericht*
- vor Ablauf der für Änderungen der Ansprüche geltenden Frist; Veröffentlichung wird wiederholt, falls Änderungen eintreffen

*Zur Erklärung der Zweibuchstaben-Codes und der anderen Abkürzungen wird auf die Erklärungen ("Guidance Notes on Codes and Abbreviations") am Anfang jeder regulären Ausgabe der PCT-Gazette verwiesen.*

Verfahren zur Herstellung von Ketocarotinoiden durch Kultivierung von genetisch veränderten Organismen

## Beschreibung

5

Die vorliegende Erfindung betrifft ein Verfahren zur Herstellung von Ketocarotinoiden durch Kultivierung von genetisch veränderten Organismen, die im Vergleich zum Wildtyp eine veränderte Ketolase-Aktivität aufweisen, die genetisch veränderten Organismen, sowie deren Verwendung als Nahrungs- und Futtermittel und zur Herstellung von Ketocarotinoidextrakten.

10

Ketocarotinoide treten hauptsächlich bei Bakterien, wenigen Pilzen und als Sekundärcarotinoide bei Grünalgen auf. Neben Echinenon, dem 4-Monoketo Derivat des  $\beta$ -Carotins wird auch die entsprechende symmetrische Diketo Verbindung Canthaxanthin gebildet. Daneben sind von den o.g. Organismengruppen einige wenige Spezies bekannt, in denen Astaxanthin (= 3,3'-Hydroxy-4,4'-keto- $\beta$ -carotin) als Endprodukt der Biosynthese (zusammen mit geringen Mengen entsprechender Intermediate) zu finden ist ( Goodwin, T.W. (1980) The Biochemistry of the Carotenoids, Vol. 1: Plants, 2nd edn. Chapman & Hall, New York.; Johnson, E.A. & An G.-H. (1991) Astaxanthin from microbial sources. Critical Rev. Biotechnol. 11, 297-326.; 3. Lorenz, R.T. & Cysewski, G.R. (2000) Commercial potential for Haematococcus microalgae as a natural source of astaxanthin. Trend Biotechn. 18, 160-167).

20

Aufgrund ihrer farbegebenden Eigenschaften werden die Ketocarotinoide und insbesondere Astaxanthin als Pigmenterhilfsstoffe in der Tierernährung, insbesondere in der Forellen-, Lachs- und Shrimpszucht verwendet.

25

Die Herstellung von Astaxanthin erfolgt heutzutage größtenteils durch chemische Syntheseverfahren. Natürliche Ketocarotinoide, wie beispielsweise natürliches Astaxanthin, werden heutzutage in biotechnologischen Verfahren in kleinen Mengen durch Kultivierung von Algen, beispielsweise *Haematococcus pluvialis* oder durch Fermentation von gentechnologisch optimierten Mikroorganismen und anschließender Isolierung gewonnen.

30

Ein wirtschaftliches biotechnologisches Verfahren zur Herstellung von natürlichen Ketocarotinoiden ist daher von großer Bedeutung.

35

Spezifische Ketolase Gene des *crfW* Typs wurden aus den Bakterien *Agrobacterium aurantia-cum* (EP 735 137, Accession NO: D58420), *Paracoccus marcusii* (Accession NO: Y15112) und als cDNA aus *Haematococcus* (*Haematococcus pluvialis* Flotow *cm. Wille* und *Haematococcus pluvialis*, NIES-144 (EP 725137, WO 98/18910 und Lotan et al, FEBS Letters 1995, 364, 125-128, Accession NO: X86782 und D45881)) kloniert und funktionell identifiziert.

40

Daneben existieren noch ORFs aus anderen Organismen, die auf Grund von Aminosäure Homologien als Ketolase Gene bezeichnet werden, wie beispielsweise Nukleinsäuren kodierend eine Ketolase aus *Alcaligenes* sp. *PC-1* (EP 735137, Accession NO: D58422), *Synechocystis* sp. *Strain PC6803* (Accession NO: NP\_442491), *Bradyrhizobium* sp. (Accession NO: AF218415), *Nostoc* sp. *PCC 7120* (Kaneko et al, DNA Res. 2001, 8(5), 205 - 213; Accoeaslon NO: AP003592, BAB74888) und *Brevundimonas aurantiaca* (WO 02079395).

Biochemisch sind lediglich die Ketolase aus *A. aurantiacum* und *Alcaligenes* spec. charakterisiert worden (Fraser P.D., Shimada H. & Misawa N.(1998) Enzymic confirmation of reactions involved in routes to astaxanthin formation, elucidated using a direct substrate in vitro assay. Eur. J. Biochem. 252, 229-236.). Es gibt noch einen weiteren Typ von  $\beta$ -Carotin Ketolase Genen, *crfO* aus dem Cyanobacterium *Synechocystis*, das keine Ähnlichkeit mit *crfW* aufweist und mit den bakteriellen Desaturasen verwandt ist (Fernandez-Gonzalez, B., Sandmann, G. & Vioque, A (1997) A new type of asymmetrically acting  $\beta$ -carotene ketolase is required for the synthesis of echinenone in the cyanobacterium *Synechocystis* sp. PCC 6803. J. Biol. Chem. 272, 9728-9733.)

Alle bekannten Ketolasen können bei  $\beta$ -Carotin in Position 4 eine Ketogruppe einfügen. Das *crfO* Gen kodiert für eine Monoketolase, die Echinenon als Endprodukt aus  $\beta$ -Carotin bildet. Die *crfW* Genfamilie, zu der auch bkt aus *Haematococcus* gehört, kodiert für eine Diketolase, die  $\beta$ -Carotin bis zu Canthaxanthin umsetzt. Diese Reaktion scheint der erste Modifikationssschritt in Richtung Astaxanthin zu sein, dem sich eine Hydroxylierung an Position 3 anschließt. Die gleiche Reaktionssequenz gilt dann auch für den zweiten Ionon Ring (9). Es gibt auch enzymatische Hinweise, dass 3-Hydroxy- $\beta$ -carotin Derivate nur schlecht an Position 4 ketoliert werden können. Es hat sich ebenfalls gezeigt, dass nur bestimmte bakterielle Hydroxylasen, wie die von *Erwinia uredovora* (Breitenbach, J., Misawa, N., Kajiwara, S. & Sandmann, G. (1996) Expression in *Escherichia coli* and properties of the carotene ketolase from *Haematococcus pluvialis*. FEMS Microbiol. Lett. 140, 241-246) oder *A. aurantiacum* in der Lage sind ketolierte Intermediate umzusetzen. Die strukturell unterschiedlichen Hydroxylasen der Cyanobakterien können dies nicht (Albrecht, M., Steiger, S. & Sandmann, G. (2001) Expression of a ketolase gene mediates the synthesis of canthaxanthin in *Synechococcus* leading to resistance against pigment photodegradation and UV-B sensitivity of photosynthesis. Photochem. Photobiol. 73, 551-555.). Es erfolgt keine Kooperation dieses Typs von Hydroxylase mit einer Ketolase, und man erhält keine substantiellen Mengen an Astaxanthin.

EP 735 137 beschreibt die Herstellung von Xanthophyllen in Mikroorganismen, wie beispielsweise *E. coli* durch Einbringen von Ketolase-Genen (*crfW*) aus *Agrobacterium aurantiacum* oder *Alcaligenes* sp. *PC-1* in Mikroorganismen.

Aus EP 725 137, WO 98/18910, Kajiwara et al. (Plant Mol. Biol. 1995, 29, 343-352) und Hirschberg et al. (FEBS Letters 1995, 364, 125-128) ist es bekannt, Astaxanthin durch Einbringen von Ketolase-Genen aus *Haematococcus pluvialis* (crtW, crtO oder bkt) in *E. coli* herzustellen.

- 5 Hirschberg et al. (FEBS Letters 1997, 404, 129-134) beschreiben die Herstellung von Astaxanthin in *Synechococcus* durch Einbringen von Ketolase-Genen (crtO) aus *Haematococcus pluvialis*. Sandmann et al. (Photochemistry and Photobiology 2001, 73(5), 551-55) beschreiben ein analoges Verfahren, das jedoch zur Herstellung von Canthaxanthin führt und nur Spuren Astaxanthin liefert.
- 10 WO 98/18910 und Hirschberg et al. (Nature Biotechnology 2000, 18(8), 888-892) beschreiben die Synthese von Ketocarotinoiden in Nektarien von Tabakblüten durch Einbringen des Ketolase-Gens aus *Haematococcus pluvialis* (crtO) in Tabak.
- 15 WO 01/20011 beschreibt ein DNA Konstrukt zur Produktion von Ketocarotinoiden, insbesondere Astaxanthin, in Samen von Ölsaatpflanzen wie Raps, Sonnenblume, Sojabohne und Senf unter Verwendung eines Samen-spezifischen Promotors und einer Ketolase aus *Haematococcus pluvialis*.
- 20 Alle im Stand der Technik beschriebenen Verfahren zur Herstellung von Ketocarotinoiden und insbesondere die beschriebenen Verfahren zur Herstellung von Astaxanthin weisen den Nachteil auf, daß die transgenen Organismen nur geringe Mengen an Astaxanthin liefern.
- Der Erfindung lag daher die Aufgabe zugrunde, ein Verfahren zur Herstellung von Ketocarotinoiden durch Kultivierung von genetisch veränderten Organismen zur Verfügung zu stellen, bzw.
- 25 weitere genetisch veränderte Organismen, die Ketocarotinoide herstellen, zur Verfügung zu stellen, die die vorstehend beschriebenen Nachteile des Standes der Technik in geringerem Maße oder nicht mehr aufweisen.
- 30 Demgemäß wurde ein Verfahren zur Herstellung von Ketocarotinoiden gefunden, indem man genetisch veränderte Organismen kultiviert, die im Vergleich zum Wildtyp eine veränderte Ketolase-Aktivität aufweisen und die veränderte Ketolase-Aktivität durch eine Ketolase verursacht wird, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität
- 35 von mindestens 42 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist.

Die erfindungsgemäßen Organismen wie beispielsweise Mikroorganismen oder Pflanzen sind vorzugsweise als Ausgangsorganismen natürlicherweise in der Lage, Carotinoide wie beispielsweise  $\beta$ -Carotin oder Zeaxanthin herzustellen, oder können durch genetische Veränderung, wie

beispielsweise Umregulierung von Stoffwechselwegen oder Komplementierung in die Lage versetzt werden, Carotinoide wie beispielsweise  $\beta$ -Carotin oder Zeaxanthin herzustellen.

- Einige Organismen sind als Ausgangs- oder Wildtyporganismen bereits in der Lage, Ketocarotinoid wie beispielsweise Astaxanthin oder Canthaxanthin herzustellen. Diese Organismen, wie beispielsweise *Haematococcus pluvialis*, *Paracoccus marcusii*, *Xanthophyllomyces dendrorhous*, *Bacillus circulans*, *Chlorococcum*, *Phaffia rhodozyma*, *Adonis sp.*, *Neochloris wimmeri*, *Protosiphon botryoides*, *Scotiellopsis oocystiformis*, *Scenedesmus vacuolatus*, *Chlorella xofingensis*, *Ankistrodesmus braunii*, *Euglena sanguinea*, *Bacillus atrophaeus*, *Blakeslea* weisen bereits als Ausgangs- oder Wildtyporganismus eine Ketolase-Aktivität auf.

- In einer Ausführungsform des erfindungsgemäßen Verfahrens werden daher als Ausgangsorganismen Organismen verwendet, die bereits als Wildtyp oder Ausgangsorganismus eine Ketolaseaktivität aufweisen. In dieser Ausführungsform bewirkt die genetische Veränderung eine Erhöhung der Ketolase-Aktivität im Vergleich zum Wildtyp oder Ausgangsorganismus.

Unter Ketolase-Aktivität wird die Enzymaktivität einer Ketolase verstanden.

- Unter einer Ketolase wird ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist, am gegebenenfalls substituierten,  $\beta$ -Ionon-Ring von Carotinoiden eine Keto-Gruppe einzuführen.

Insbesondere wird unter einer Ketolase ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist,  $\beta$ -Carotin in Canthaxanthin umzuwandeln.

- Dementsprechend wird unter Ketoase-Aktivität die in einer bestimmten Zeit durch das Protein Ketolase umgesetzte Menge  $\beta$ -Carotin bzw. gebildete Menge Canthaxanthin verstanden.

- Bei einer erhöhten Ketolase-Aktivität gegenüber dem Wildtyp wird somit im Vergleich zum Wildtyp in einer bestimmten Zeit durch das Protein Ketolase die umgesetzte Menge  $\beta$ -Carotin bzw. die gebildete Menge Canthaxanthin erhöht.

- Vorzugsweise beträgt diese Erhöhung der Ketolase-Aktivität mindestens 5 %, weiter bevorzugt mindestens 20 %, weiter bevorzugt mindestens 50 %, weiter bevorzugt mindestens 100 %, bevorzugt mindestens 300 %, noch bevorzugt mindestens 500 %, insbesondere mindestens 600 % der Ketolase-Aktivität des Wildtyps.

Unter dem Begriff "Wildtyp" wird erfindungsgemäß der entsprechende Ausgangsorganismus verstanden.



Je nach Zusammenhang kann unter dem Begriff "Organismus" der Ausgangsorganismus (Wildtyp) oder ein erfindungsgemäßer, genetisch veränderter Organismus oder beides verstanden werden.

5

Vorzugsweise und insbesondere in Fällen, in denen der Organismus oder der Wildtyp nicht eindeutig zugeordnet werden kann, wird unter "Wildtyp" für die Erhöhung oder Verursachung der Ketolase-Aktivität, für die nachstehend beschriebene Erhöhung der Hydroxylase-Aktivität, für die nachstehend beschriebene Erhöhung der  $\beta$ -Cyclase-Aktivität und die Erhöhung des Gehalts an Ketocarotinoiden jeweils ein Referenzorganismus verstanden.

10

Dieser Referenzorganismus ist für Mikroorganismen, die bereits als Wildtyp eine Ketolase Aktivität aufweisen, vorzugsweise *Haematococcus pluvialis*.

15

Dieser Referenzorganismus ist für Mikroorganismen, die als Wildtyp keine Ketolase Aktivität aufweisen, vorzugsweise *Blakeslea*.

Dieser Referenzorganismus ist für Pflanzen, die bereits als Wildtyp eine Ketolase-Aktivität aufweisen, vorzugsweise *Adonis aestivalis*, *Adonis flammeus* oder *Adonis annuus*, besonders bevorzugt *Adonis aestivalis*.

20

Dieser Referenzorganismus ist für Pflanzen, die als Wildtyp keine Ketolase-Aktivität in Blütenblätter aufweisen, vorzugsweise *Tagetes erecta*, *Tagetes patula*, *Tagetes lucida*, *Tagetes pringlei*, *Tagetes palmeri*, *Tagetes minuta* oder *Tagetes campanulata*, besonders bevorzugt *Tagetes erecta*.

25

Die Bestimmung der Ketolase-Aktivität in erfindungsgemäßen genetisch veränderten Organismen und in Wildtyp- bzw. Referenzorganismen erfolgt vorzugsweise unter folgenden Bedingungen:

30

Die Bestimmung der Ketolase-Aktivität in Pflanzen- oder Mikroorganismenmaterial erfolgt in Anlehnung an die Methode von Frazer et al., (J. Biol. Chem. 272(10): 6128-6135, 1997). Die Ketolase-Aktivität in pflanzlichen oder Mikroorganismus-Extrakten wird mit den Substraten  $\beta$ -Carotin und Canthaxanthin in Gegenwart von Lipid (Sojalecithin) und Detergens (Natriumcholat) bestimmt. Substrat/Produkt-Verhältnisse aus den Ketolase-Assays werden mittels HPLC ermittelt.

35

Die Erhöhung der Ketolase-Aktivität kann durch verschiedene Wege erfolgen, beispielsweise durch Ausschalten von hemmenden Regulationsmechanismen auf Translations- und Protein-

ebene oder durch Erhöhung der Genexpression einer Nukleinsäure, kodierend eine Ketolase, gegenüber dem Wildtyp, beispielsweise durch Induzierung des Ketolase-Gens durch Aktivator-  
ren oder durch Einbringen von Nukleinsäuren, kodierend eine Ketolase, in den Organismus.

- 5 Unter Erhöhung der Genexpression einer Nukleinsäure, kodierend eine Ketolase, wird erfindungsgemäß in dieser Ausführungsform auch die Manipulation der Expression der Organismen eigenen endogenen Ketolasen verstanden. Dies kann beispielsweise durch Veränderung der Promotor DNA-Sequenz für Ketolase kodierende Gene erreicht werden. Eine solche Veränderung, die eine veränderte oder vorzugsweise erhöhte Expressionsrate mindestens eines endo-  
10 genen Ketolase Gens zur Folge hat, kann durch Deletion oder Insertion von DNA Sequenzen erfolgen.

- Es ist wie vorstehend beschrieben möglich, die Expression mindestens einer endogenen Ketolase durch die Applikation exogener Stimuli zu verändern. Dies kann durch besondere physiologische Bedingungen, also durch die Applikation von Fremdstoffen erfolgen.  
15

- Des weiteren kann eine erhöhte Expression mindestens eines endogenen Ketolase-Gens dadurch erzielt werden, dass ein im Wildtyporganismus nicht vorkommendes oder modifiziertes Regulatorprotein mit dem Promotor dieser Gene in Wechselwirkung tritt.  
20

- Solch ein Regulator kann ein chimäres Protein darstellen, welches aus einer DNA-Bindedomäne und einer Transkriptionsaktivator-Domäne besteht, wie beispielsweise in WO 96/06166 beschrieben.

- 25 In einer bevorzugten Ausführungsform erfolgt die Erhöhung der Ketolase-Aktivität gegenüber dem Wildtyp durch die Erhöhung der Genexpression einer Nukleinsäure, kodierend eine Ketolase, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 42 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist.

- 30 In einer weiter bevorzugten Ausführungsform erfolgt die Erhöhung der Genexpression einer Nukleinsäure, kodierend eine Ketolase, durch Einbringen von Nukleinsäuren, die Ketolasen kodieren, in die Organismen, wobei die Ketolasen die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz enthalten, die eine Identität von mindestens 42 % auf Aminosäureebene mit der  
35 Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist.

In den erfindungsgemäßen transgenen Organismen liegt also in dieser Ausführungsform gegenüber dem Wildtyp mindestens ein weiteres Ketolase-Gen vor, kodierend eine Ketolase, ent-

haltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 42 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist.

- 5 In dieser Ausführungsform weist der erfindungsgemäße genetisch veränderte Organismus dementsprechend mindestens eine exogene (=heterologe) Nukleinsäure, kodierend eine Ketolase, auf oder mindestens zwei endogene Nukleinsäuren, kodierend eine Ketolase, auf, wobei die Ketolasen die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz enthalten, die eine
- 10 Identität von mindestens 42 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist.

In einer anderen, bevorzugten Ausführungsform des erfindungsgemäßen Verfahrens werden als Ausgangsorganismen Organismen verwendet, die als Wildtyp keine Ketolaseaktivität aufweisen.

- 15 In dieser bevorzugten Ausführungsform verursacht die genetische Veränderung die Ketolase-Aktivität in den Organismen. Der erfindungsgemäße genetisch veränderte Organismus weist somit in dieser bevorzugten Ausführungsform im Vergleich zum genetisch nicht veränderten Wildtyp eine Ketolase-Aktivität auf und ist somit vorzugsweise in der Lage, transgen eine Ketolase zu exprimieren, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser
- 20 Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 42 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist.

- In dieser bevorzugten Ausführungsform erfolgt die Verursachung der Genexpression einer Nukleinsäure, kodierend eine Ketolase, analog zu der vorstehend beschriebenen Erhöhung der Genexpression einer Nukleinsäure, kodierend eine Ketolase, vorzugsweise durch Einbringen von Nukleinsäuren, die Ketolasen kodieren, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 42 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz
- 25 SEQ. ID. NO. 2 aufweist, in den Ausgangsorganismus.

- Dazu kann in beiden Ausführungsformen prinzipiell jede Nukleinsäuren, die eine Ketolase kodiert, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität
- 30 von mindestens 42 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist, verwendet werden.

Die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäuren, kodierend eine Ketolase, führt im erfindungsgemäßen Verfahren überraschenderweise zu einer höheren Ausbeute an Ketocaroti-

noiden, insbesondere an Astaxanthin als bei der Verwendung der im Stand der Technik verwendeten Ketolase-Gene.

Alle in der Beschreibung erwähnten Nukleinsäuren können beispielsweise eine RNA-, DNA- oder cDNA-Sequenz sein.

Bei genomischen Ketolase-Sequenzen aus eukaryotischen Quellen, die Introns enthalten, sind für den Fall, dass der Wirtsorganismus nicht in der Lage ist oder nicht in die Lage versetzt werden kann, die entsprechenden Ketolase zu exprimieren, bevorzugt bereits prozessierte Nukleinsäuresequenzen wie die entsprechenden cDNAs zu verwenden.

Beispiele für Nukleinsäuren, kodierend eine Ketolase, und die entsprechenden Ketolasen, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 42 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist, die im erfindungsgemäßen Verfahren vorteilhaft verwendet werden können, sind beispielsweise Sequenzen aus

*Nostoc punctiforme* PCC73102 ORF 38, Nukleinsäure: Acc.-No. NZ\_AABC01000195, Basenpaar 55,604 bis 55,392 (SEQ ID NO: 1); Protein: Acc.-No. ZP\_00111258 (SEQ ID NO: 2) (als putatives Protein annotiert) oder

*Nostoc punctiforme* PCC73102 ORF 148, Nukleinsäure: Acc.-No. NZ\_AABC01000196, Basenpaar 140,571 bis 139,810 (SEQ ID NO: 3), Protein: (SEQ ID NO: 4) (nicht annotiert)

oder von diesen Sequenzen abgeleitete Ketolasesequenzen.

Abbildung 1 zeigt zusätzlich die Nukleinsäuresequenzen von ORF 38 und ORF 148 aus *Nostoc punctiforme*.

Für die Herstellung von Astaxanthin ist insbesondere die Verwendung der Ketolase *Nostoc punctiforme* PCC73102 ORF 148, Nukleinsäure: Acc.-No. NZ\_AABC01000196, Basenpaar 140,571 bis 139,810 (SEQ ID NO: 3), Protein: (SEQ ID NO: 4) oder von dieser Sequenz abgeleitete Sequenzen besonders bevorzugt.

Weitere natürliche Beispiele für Ketolasen und Ketolase-Gene, die im erfindungsgemäßen Verfahren verwendet werden können, lassen sich beispielsweise aus verschiedenen Organismen, deren genomische Sequenz bekannt ist, durch Identitätsvergleiche der Aminosäuresequenzen oder der entsprechenden rückübersetzten Nukleinsäuresequenzen aus Datenbanken mit den vorstehend beschriebenen Sequenzen SEQ ID NO: 2 oder SEQ ID NO: 4 leicht auffinden.

Weitere natürliche Beispiele für Ketolasen und Ketolase-Gene lassen sich weiterhin ausgehend von den vorstehend beschriebenen Nukleinsäuresequenzen, insbesondere ausgehend von den Sequenzen SEQ ID NO: 1 oder SEQ ID NO: 3 aus verschiedenen Organismen, deren genomische Sequenz nicht bekannt ist, durch Hybridisierungstechniken in an sich bekannter Weise leicht auffinden.

Die Hybridisierung kann unter moderaten (geringe Stringenz) oder vorzugsweise unter stringenten (hohe Stringenz) Bedingungen erfolgen.

Solche Hybridisierungsbedingungen sind beispielsweise bei Sambrook, J., Fritsch, E.F., Maniatis, T., in: *Molecular Cloning (A Laboratory Manual)*, 2. Auflage, Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1989, Seiten 9.31-9.57 oder in *Current Protocols in Molecular Biology*, John Wiley & Sons, N.Y. (1989), 6.3.1-6.3.6 beschrieben.

Beispielhaft können die Bedingungen während des Waschschrilles ausgewählt sein aus dem Bereich von Bedingungen begrenzt von solchen mit geringer Stringenz (mit 2X SSC bei 50°C) und solchen mit hoher Stringenz (mit 0.2X SSC bei 50°C, bevorzugt bei 65°C) (20X SSC: 0,3 M Natriumcitrat, 3 M Natriumchlorid, pH 7.0).

Darüberhinaus kann die Temperatur während des Waschschrilles von moderaten Bedingungen bei Raumtemperatur, 22°C, bis zu stringenten Bedingungen bei 65°C angehoben werden.

Beide Parameter, Salzkonzentration und Temperatur, können gleichzeitig variiert werden, auch kann einer der beiden Parameter konstant gehalten und nur der andere variiert werden. Während der Hybridisierung können auch denaturierende Agenzien wie zum Beispiel Formamid oder SDS eingesetzt werden. In Gegenwart von 50 % Formamid wird die Hybridisierung bevorzugt bei 42°C ausgeführt.

Einige beispielhafte Bedingungen für Hybridisierung und Waschschrill sind infolge gegeben:

(1) Hybridisierungsbedingungen mit zum Beispiel

(i) 4X SSC bei 65°C, oder

(ii) 6X SSC bei 45°C, oder

(iii) 6X SSC bei 68°C, 100 mg/ml denaturierter Fischsperma-DNA, oder

- (iv) 6X SSC, 0.5 % SDS, 100 mg/ml denaturierte, fragmentierte Lachssperma-DNA bei 68°C, oder
- 5 (v) 6XSSC, 0.5 % SDS, 100 mg/ml denaturierte, fragmentierte Lachssperma-DNA, 50 % Formamid bei 42°C, oder
- (vi) 50 % Formamid, 4X SSC bei 42°C, oder
- 10 (vii) 50 % (vol/vol) Formamid, 0.1 % Rinderserumalbumin, 0.1 % Ficoll, 0.1 % Polyvinylpyrrolidon, 50 mM Natriumphosphatpuffer pH 6.5, 750 mM NaCl, 75 mM Natriumcitrat bei 42°C, oder
- (viii) 2X oder 4X SSC bei 50°C (moderate Bedingungen), oder
- 15 (ix) 30 bis 40 % Formamid, 2X oder 4X SSC bei 42° (moderate Bedingungen).
- (2) Waschschritte für jeweils 10 Minuten mit zum Beispiel
- (i) 0.015 M NaCl/0.0015 M Natriumcitrat/0.1 % SDS bei 50°C, oder
- 20 (ii) 0.1X SSC bei 65°C, oder
- (iii) 0.1X SSC, 0.5 % SDS bei 68°C, oder
- 25 (iv) 0.1X SSC, 0.5 % SDS, 50 % Formamid bei 42°C, oder
- (v) 0.2X SSC, 0.1 % SDS bei 42°C, oder
- (vi) 2X SSC bei 65°C (moderate Bedingungen).

30

In einer bevorzugten Ausführungsform der erfindungsgemäßen Verfahren bringt man Nukleinsäuren ein, die eine Ketolase kodieren, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 50%, vorzugsweise mindestens 60%, vorzugsweise mindestens 65 %, vorzugsweise mindestens 70 %, bevorzugter mindestens 75 %, bevorzugter mindestens 80 %, bevorzugter mindestens 85 %, bevorzugter mindestens 90 %, bevorzugter mindestens 95 %, besonders bevorzugt mindestens 98 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ ID NO: 2 aufweist.

35

- Dabei kann es sich um eine natürliche Ketolase-Sequenz handeln, die wie vorstehend beschrieben durch Identitätsvergleich der Sequenzen aus anderen Organismen gefunden werden kann oder um eine künstliche Ketolase-Sequenz, die ausgehend von der Sequenz SEQ ID NO: 2
- 5 durch künstliche Variation, beispielsweise durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgewandelt wurde.

- Unter dem Begriff "Substitution" ist in der Beschreibung der Austausch einer oder mehrerer Aminosäuren durch eine oder mehrere Aminosäuren zu verstehen. Bevorzugt werden sog. konservative Austausche durchgeführt, bei denen die ersetzte Aminosäure eine ähnliche Eigenschaft hat wie die ursprüngliche Aminosäure, beispielsweise Austausch von Glu durch Asp, Gln
- 10 durch Asn, Val durch Ile, Leu durch Ile, Ser durch Thr.

- Deletion ist das Ersetzen einer Aminosäure durch eine direkte Bindung. Bevorzugte Positionen für Deletionen sind die Termini des Polypeptides und die Verknüpfungen zwischen den einzelnen Proteindomänen.
- 15

- Insertionen sind Einfügungen von Aminosäuren in die Polypeptidkette, wobei formal eine direkte Bindung durch ein oder mehrere Aminosäuren ersetzt wird.

- 20 Unter Identität zwischen zwei Proteinen wird die Identität der Aminosäuren über die jeweils gesamte Proteinlänge verstanden, insbesondere die Identität die durch Vergleich mit Hilfe der Vector NTI Suite 7.1 Software der Firma Informax (USA) unter Anwendung der Clustal Methode (Higgins DG, Sharp PM. Fast and sensitive multiple sequence alignments on a microcomputer.
- 25 Comput Appl. Biosci. 1989 Apr;5(2):151-1) unter Einstellung folgender Parameter berechnet wird:

- Multiple alignment parameter:
- |                                |     |
|--------------------------------|-----|
| Gap opening penalty            | 10  |
| 30 Gap extension penalty       | 10  |
| Gap separation penalty range   | 8   |
| Gap separation penalty         | off |
| % Identity for alignment delay | 40  |
| Residue specific gaps          | off |
| 35 Hydrophilic residue gap     | off |
| Transition weighing            | 0   |

Pairwise alignment parameter:

FAST algorithm on

K-tuple size 1

Gap penalty 3

5 Window size 5

Number of best diagonals 5

Unter einer Ketolase, die eine Identität von mindestens 42 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ ID NO: 2 aufweist, wird dementsprechend eine Ketolase verstanden, die bei einem  
10 Vergleich seiner Sequenz mit der Sequenz SEQ ID NO: 2, insbesondere nach obigen Programmlogarithmus mit obigem Parametersatz eine Identität von mindestens 42 % aufweist.

Beispielsweise weist nach obigen Programmlogarithmus mit obigem Parametersatz die Sequenz der Ketolase aus *Nostoc punctiforme* PCC73102 ORF 148 (SEQ ID NO: 4) mit der Sequenz der Ketolase aus *Nostoc punctiforme* PCC73102 ORF 38 (SEQ ID NO: 2) eine Identität von 64% auf.  
15

Geeignete Nukleinsäuresequenzen sind beispielsweise durch Rückübersetzung der Polypeptidsequenz gemäß dem genetischen Code erhältlich.  
20

Bevorzugt werden dafür solche Codons verwendet, die entsprechend der Organismus-spezifischen "codon usage" häufig verwendet werden. Die "codon usage" lässt sich anhand von Computerauswertungen anderer, bekannter Gene der betreffenden Organismen leicht ermitteln.

25 In einer besonders bevorzugten Ausführungsform bringt man eine Nukleinsäure, enthaltend die Sequenz SEQ ID NO: 1 oder SEQ ID NO: 3 in den Organismus ein.

Alle vorstehend erwähnten Ketolase-Gene sind weiterhin in an sich bekannter Weise durch chemische Synthese aus den Nukleotidbausteinen wie beispielsweise durch Fragmentkondensation einzelner überlappender, komplementärer Nukleinsäurebausteine der Doppelhelix herstellbar. Die chemische Synthese von Oligonukleotiden kann beispielsweise, in bekannter Weise, nach der Phosphoramiditmethode (Voet, Voet, 2. Auflage, Wiley Press New York, S. 896-897) erfolgen. Die Anlagerung synthetischer Oligonukleotide und Auffüllen von Lücken mithilfe des Klenow-Fragmentes der DNA-Polymerase und Ligationsreaktionen sowie allgemeine Klonierungsverfahren werden in Sambrook et al. (1989), Molecular cloning: A laboratory manual, Cold Spring Harbor Laboratory Press, beschrieben.  
30  
35

Die Sequenz der Ketolase aus *Nostoc punctiforme* PCC73102 ORF 38 (SEQ ID NO: 2) weist mit den Sequenzen der Ketolasen die in den Verfahren des Standes der Technik verwendet werden



eine Identität von 38% (*Agrobacterium aurantiacum* (EP 735 137, Accession NO: D58420), 38% (*Alcaligenes* sp. *PC-1* (EP 735137, Accession NO: D58422) und 19 bis 21 % (*Haematococcus pluvialis* Flotow em. Wille und *Haematococcus pluvialis*, NIES-144 (EP 725137, WO 98/18910 und Lotan et al, FEBS Letters 1995, 364, 125-128, Accession NO: X86782 und D45881) auf.

5

In einer bevorzugten Ausführungsform werden Organismen kultiviert, die gegenüber dem Wildtyp zusätzlich zur erhöhten Ketolase-Aktivität eine erhöhte Hydroxylase-Aktivität und/oder  $\beta$ -Cyclase-Aktivität aufweisen.

- 10 Unter Hydroxylase-Aktivität wird die Enzymaktivität einer Hydroxylase verstanden.

Unter einer Hydroxylase wird ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist, am, gegebenenfalls substituierten,  $\beta$ -Ionon-Ring von Carotinoiden eine Hydroxy-Gruppe einzuführen.

15

Insbesondere wird unter einer Hydroxylase ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist,  $\beta$ -Carotin in Zeaxanthin oder Canthaxanthin in Astaxanthin umzuwandeln.

- 20 Dementsprechend wird unter Hydroxylase-Aktivität die in einer bestimmten Zeit durch das Protein Hydroxylase umgesetzte Menge  $\beta$ -Carotin oder Canthaxanthin bzw. gebildete Menge Zeaxanthin oder Astaxanthin verstanden.

- Bei einer erhöhten Hydroxylase-Aktivität gegenüber dem Wildtyp wird somit im Vergleich zum Wildtyp in einer bestimmten Zeit durch das Protein Hydroxylase die umgesetzte Menge  $\beta$ -Carotin oder Canthaxanthin bzw. die gebildete Menge Zeaxanthin oder Astaxanthin erhöht.

25

- Vorzugsweise beträgt diese Erhöhung der Hydroxylase-Aktivität mindestens 5 %, weiter bevorzugt mindestens 20 %, weiter bevorzugt mindestens 50 %, weiter bevorzugt mindestens 100 %, bevorzugter mindestens 300 %, noch bevorzugter mindestens 500 %, insbesondere mindestens 600 % der Hydroxylase-Aktivität des Wildtyps.

30

Unter  $\beta$ -Cyclase-Aktivität wird die Enzymaktivität einer  $\beta$ -Cyclase verstanden.

- Unter einer  $\beta$ -Cyclase wird ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist, einen endständigen, linearen Rest von Lycopin in einen  $\beta$ -Ionon-Ring zu überführen.

35

Insbesondere wird unter einer  $\beta$ -Cyclase ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist,  $\gamma$ -Carotin in  $\beta$ -Carotin umzuwandeln.

Dementsprechend wird unter  $\beta$ -Cyclase-Aktivität die in einer bestimmten Zeit durch das Protein  $\beta$ -Cyclase umgesetzte Menge  $\gamma$ -Carotin bzw. gebildete Menge  $\beta$ -Carotin verstanden.

- 5 Bei einer erhöhten  $\beta$ -Cyclase-Aktivität gegenüber dem Wildtyp wird somit im Vergleich zum Wildtyp in einer bestimmten Zeit durch das Protein  $\beta$ -Cyclase die umgesetzte Menge an Lycopin bzw.  $\gamma$ -Carotin oder die gebildete Menge an  $\gamma$ -Carotin aus Lycopin bzw. die gebildete Menge an  $\beta$ -Carotin aus  $\gamma$ -Carotin erhöht.

- 10 Vorzugsweise beträgt diese Erhöhung der  $\beta$ -Cyclase-Aktivität mindestens 5 %, weiter bevorzugt mindestens 20 %, weiter bevorzugt mindestens 50 %, weiter bevorzugt mindestens 100 %, bevorzugter mindestens 300 %, noch bevorzugter mindestens 500 %, insbesondere mindestens 600 % der  $\beta$ -Cyclase-Aktivität des Wildtyps.

- 15 Die Bestimmung der Hydroxylase-Aktivität in erfindungsgemäßen genetisch veränderten Organismen und in Wildtyp- bzw. Referenzorganismen erfolgt vorzugsweise unter folgenden Bedingungen:

- Die Aktivität der Hydroxylase wird nach Bouvier et al. (Biochim. Biophys. Acta 1391 (1998), 320-328) *in vitro* bestimmt. Es wird zu einer bestimmten Menge an Organismusextrakt Ferredoxin, Ferredoxin-NADP Oxidoreductase, Katalase, NADPH sowie  $\beta$ -Carotin mit Mono- und Digalaktosylglyzeriden zugegeben.
- 20

- Besonders bevorzugt erfolgt die Bestimmung der Hydroxylase-Aktivität unter folgenden Bedingungen nach Bouvier, Keller, d'Harlingue und Camara (Xanthophyll biosynthesis: molecular and functional characterization of carotenoid hydroxylases from pepper fruits (*Capsicum annuum* L.; Biochim. Biophys. Acta 1391 (1998), 320-328):
- 25

- Der *in-vitro* Assay wird in einem Volumen von 0.250 ml durchgeführt. Der Ansatz enthält 50 mM Kaliumphosphat (pH 7.6), 0.025 mg Ferredoxin von Spinat, 0.5 Einheiten Ferredoxin-NADP+ Oxidoreduktase von Spinat, 0.25 mM NADPH, 0.010 mg beta-Carotin (in 0.1 mg Tween 80 emulgiert), 0.05 mM einer Mischung von Mono- und Digalaktosylglyzeriden (1:1), 1 Einheit Katalase, 200 Mono- und Digalaktosylglyzeriden (1:1), 0.2 mg Rinderserumalbumin und Organismusextrakt in unterschiedlichem Volumen. Die Reaktionsmischung wird 2 Stunden bei 30°C inkubiert. Die Reaktionsprodukte werden mit organischem Lösungsmittel wie Aceton oder Chloroform/Methanol (2:1) extrahiert und mittels HPLC bestimmt.
- 30
- 35

Die Bestimmung der  $\beta$ -Cyclase-Aktivität in erfindungsgemäßen genetisch veränderten Organismen und in Wildtyp- bzw. Referenzorganismen erfolgt vorzugsweise unter folgenden Bedingungen:

- 5 Die Aktivität der  $\beta$ -Cyclase wird nach Fraser und Sandmann (Biochem. Biophys. Res. Comm. 185(1) (1992) 9-15) *in vitro* bestimmt. Es werden zu einer bestimmten Menge an Organismusextrakt Kaliumphosphat als Puffer (pH 7.6), Lycopin als Substrat, Stromaprotein von Paprika, NADP+, NADPH und ATP zugegeben.

- 10 Besonders bevorzugt erfolgt die Bestimmung der  $\beta$ -Cyclase-Aktivität unter folgenden Bedingungen nach Bouvier, d'Harlingue und Camara (Molecular Analysis of carotenoid cyclase inhibition; Arch. Biochem. Biophys. 346(1) (1997) 53-64):

- Der *in-vitro* Assay wird in einem Volumen von 250  $\mu$ l Volumen durchgeführt. Der Ansatz enthält  
15 50 mM Kaliumphosphat (pH 7.6), unterschiedliche Mengen an Organismusextrakt, 20 nM Lycopin, 250  $\mu$ g an chromoplastidärem Stromaprotein aus Paprika, 0.2 mM NADP+, 0.2 mM NADPH und 1 mM ATP. NADP/NADPH und ATP werden in 10 ml Ethanol mit 1 mg Tween 80 unmittelbar vor der Zugabe zum Inkubationsmedium gelöst. Nach einer Reaktionszeit von 60 Minuten bei 30°C wird die Reaktion durch Zugabe von Chloroform/Methanol (2:1) beendet. Die in Chloroform extrahierten Reaktionsprodukte werden mittels HPLC analysiert.  
20

Ein alternativer Assay mit radioaktivem Substrat ist beschrieben in Fraser und Sandmann (Biochem. Biophys. Res. Comm. 185(1) (1992) 9-15).

- 25 Die Erhöhung der Hydroxylase-Aktivität und/oder  $\beta$ -Cyclase-Aktivität kann durch verschiedene Wege erfolgen, beispielsweise durch Ausschalten von hemmenden Regulationsmechanismen auf Expressions- und Proteinebene oder durch Erhöhung der Genexpression von Nukleinsäuren, kodierend eine Hydroxylase, und/oder von Nukleinsäuren, kodierend eine  $\beta$ -Cyclase, gegenüber dem Wildtyp.

- 30 Die Erhöhung der Genexpression der Nukleinsäuren, kodierend eine Hydroxylase, und/oder die Erhöhung der Genexpression der Nukleinsäure, kodierend eine  $\beta$ -Cyclase, gegenüber dem Wildtyp kann ebenfalls durch verschiedene Wege erfolgen, beispielsweise durch Induzierung des Hydroxylase-Gens und/oder  $\beta$ -Cyclase-Gens durch Aktivatoren oder durch Einbringen von  
35 einer oder mehrerer Hydroxylase-Genkopien und/oder  $\beta$ -Cyclase-Genkopien, also durch Einbringen mindestens einer Nukleinsäure, kodierend eine Hydroxylase, und/oder mindestens einer Nukleinsäure, kodierend eine  $\beta$ -Cyclase, in den Organismus.

Unter Erhöhung der Genexpression einer Nukleinsäure, kodierend eine Hydroxylase und/oder  $\beta$ -Cyclase, wird erfindungsgemäß auch die Manipulation der Expression der Organismus eigenen endogenen Hydroxylase und/oder  $\beta$ -Cyclase verstanden.

- 5 Dies kann beispielsweise durch Veränderung der Promotor DNA-Sequenz für Hydroxylasen und/oder  $\beta$ -Cyclasen kodierende Gene erreicht werden. Eine solche Veränderung, die eine erhöhte Expressionsrate des Gens zur Folge hat, kann beispielsweise durch Deletion oder Insertion von DNA Sequenzen erfolgen.

- 10 Es ist, wie vorstehend beschrieben, möglich, die Expression der endogenen Hydroxylase und/oder  $\beta$ -Cyclase durch die Applikation exogener Stimuli zu verändern. Dies kann durch besondere physiologische Bedingungen, also durch die Applikation von Fremdstoffen erfolgen.

- 15 Des weiteren kann eine veränderte bzw. erhöhte Expression eines endogenen Hydroxylase- und/oder  $\beta$ -Cyclase-Gens dadurch erzielt werden, dass ein im nicht transformierten Organismus nicht vorkommendes Regulator-Protein mit dem Promotor dieses Gens in Wechselwirkung tritt.

- 20 Solch ein Regulator kann ein chimäres Protein darstellen, welches aus einer DNA-Bindedomäne und einer Transkriptionsaktivator-Domäne besteht, wie beispielsweise in WO 96/06166 beschrieben.

- In einer bevorzugten Ausführungsform erfolgt die Erhöhung der Genexpression einer Nukleinsäure, kodierend eine Hydroxylase, und/oder die Erhöhung der Genexpression einer Nukleinsäure, kodierend eine  $\beta$ -Cyclase, durch Einbringen von mindestens einer Nukleinsäure, kodierend eine Hydroxylase, und/oder durch Einbringen von mindestens einer Nukleinsäure, kodierend eine  $\beta$ -Cyclase, in den Organismus.

- 30 Dazu kann prinzipiell jedes Hydroxylase-Gen bzw. jedes  $\beta$ -Cyclase-Gen, also jede Nukleinsäure, die eine Hydroxylase und jede Nukleinsäure, die eine  $\beta$ -Cyclase kodiert, verwendet werden.

- Bei genomischen Hydroxylase- bzw.  $\beta$ -Cyclase-Nukleinsäure-Sequenzen aus eukaryotischen Quellen, die Introns enthalten, sind für den Fall, dass der Wirtsorganismus nicht in der Lage ist oder nicht in die Lage versetzt werden kann, die entsprechende Hydroxylase bzw.  $\beta$ -Cyclase zu exprimieren, bevorzugt bereits prozessierte Nukleinsäuresequenzen, wie die entsprechenden cDNAs, zu verwenden.

Ein Beispiel für ein Hydroxylase-Gen ist eine Nukleinsäure, kodierend eine Hydroxylase, aus *Haematococcus pluvialis*, Accession AX038729, WO 0061764); (Nukleinsäure: SEQ ID NO: 5, Protein: SEQ ID NO: 6).

- 5 Ein Beispiel für ein  $\beta$ -Cyclase-Gen ist eine Nukleinsäure, kodierend eine  $\beta$ -Cyclase aus Tomate (Accession X86452). (Nukleinsäure: SEQ ID NO: 7, Protein: SEQ ID NO: 8).

- 10 In den erfindungsgemäßen bevorzugten transgenen Organismen liegt also in dieser bevorzugten Ausführungsform gegenüber dem Wildtyp mindestens ein weiteres Hydroxylase-Gen und/oder  $\beta$ -Cyclase-Gen vor.

- 15 In dieser bevorzugten Ausführungsform weist der genetisch veränderte Organismus beispielsweise mindestens eine exogene Nukleinsäure, kodierend eine Hydroxylase, oder mindestens zwei endogene Nukleinsäuren, kodierend eine Hydroxylase und/oder mindestens eine exogene Nukleinsäure, kodierend eine  $\beta$ -Cyclase, oder mindestens zwei endogene Nukleinsäuren, kodierend eine  $\beta$ -Cyclase, auf.

- 20 Bevorzugt verwendet man in vorstehend beschriebener bevorzugter Ausführungsform als Hydroxylase-Gene Nukleinsäuren, die Proteine kodieren, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 6 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 30 %, vorzugsweise mindestens 50 %, bevorzugter mindestens 70 %, noch bevorzugter mindestens 90 %, am bevorzugtesten mindestens 95 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ ID NO: 6, und die die enzymatische Eigenschaft einer Hydroxylase aufweisen.

- 25 Weitere Beispiele für Hydroxylasen und Hydroxylase-Gene lassen sich beispielsweise aus verschiedenen Organismen, deren genomische Sequenz bekannt ist, wie vorstehend beschrieben durch Homologievergleiche der Aminosäuresequenzen oder der entsprechenden rückübersetzten Nukleinsäuresequenzen aus Datenbanken mit der SEQ ID. NO: 6 leicht auffinden.

- 30 Weitere Beispiele für Hydroxylasen und Hydroxylase-Gene lassen sich weiterhin beispielsweise ausgehend von der Sequenz SEQ ID NO: 5 aus verschiedenen Organismen deren genomische Sequenz nicht bekannt ist, wie vorstehend beschrieben, durch Hybridisierungs- und PCR-Techniken in an sich bekannter Weise leicht auffinden.

- 35 In einer weiter besonders bevorzugten Ausführungsform werden zur Erhöhung der Hydroxylase-Aktivität Nukleinsäuren in Organismen eingebracht, die Proteine kodieren, enthaltend die Aminosäuresequenz der Hydroxylase der Sequenz SEQ ID NO: 6.

Geeignete Nukleinsäuresequenzen sind beispielsweise durch Rückübersetzung der Polypeptidsequenz gemäß dem genetischen Code erhältlich.

- 5 Bevorzugt werden dafür solche Kodons verwendet, die entsprechend des Organismus-spezifischen "codon usage" häufig verwendet werden. Dieser "codon usage" lässt sich anhand von Computerauswertungen anderer, bekannter Gene der betreffenden Organismen leicht ermitteln.
- 10 In einer besonders bevorzugten Ausführungsform bringt man eine Nukleinsäure, enthaltend die Sequenz SEQ. ID. NO: 5, in den Organismus ein.

- Bevorzugt verwendet man in vorstehend beschriebener bevorzugter Ausführungsform als  $\beta$ -Cyclase-Gene Nukleinsäuren, die Proteine kodieren, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 8 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 30 %, vorzugsweise mindestens 50 %, bevorzugter mindestens 70 %, noch bevorzugter mindestens 90 %, am bevorzugtesten mindestens 95 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ ID NO: 8, und die die enzymatische Eigenschaft einer  $\beta$ -Cyclase aufweisen.
- 15

- 20 Weitere Beispiele für  $\beta$ -Cyclasen und  $\beta$ -Cyclase-Gene lassen sich beispielsweise aus verschiedenen Organismen, deren genomische Sequenz bekannt ist, wie vorstehend beschrieben durch Homologievergleiche der Aminosäuresequenzen oder der entsprechenden rückübersetzten Nukleinsäuresequenzen aus Datenbanken mit der SEQ ID NO: 8 leicht auffinden.

- 25 Weitere Beispiele für  $\beta$ -Cyclasen und  $\beta$ -Cyclase-Gene lassen sich weiterhin beispielsweise ausgehend von der Sequenz SEQ ID NO: 7 aus verschiedenen Organismen, deren genomische Sequenz nicht bekannt ist, durch Hybridisierungs- und PCR-Techniken in an sich bekannter Weise leicht auffinden.

- 30 In einer weiter besonders bevorzugten Ausführungsform werden zur Erhöhung der  $\beta$ -Cyclase-Aktivität Nukleinsäuren in Organismen eingebracht, die Proteine kodieren, enthaltend die Aminosäuresequenz der  $\beta$ -Cyclase der Sequenz SEQ. ID. NO: 8.

- 35 Geeignete Nukleinsäuresequenzen sind beispielsweise durch Rückübersetzung der Polypeptidsequenz gemäß dem genetischen Code erhältlich.

Bevorzugt werden dafür solche Kodons verwendet, die entsprechend des Organismus-spezifischen "codon usage" häufig verwendet werden. Dieser "codon usage" lässt sich anhand von Computerauswertungen anderer, bekannter Gene der betreffenden Organismen leicht ermitteln.

5

In einer besonders bevorzugten Ausführungsform bringt man eine Nukleinsäure, enthaltend die Sequenz SEQ. ID. NO: 7 in den Organismus ein.

- Alle vorstehend erwähnten Hydroxylase-Gene oder  $\beta$ -Cyclase-Gene sind weiterhin in an sich bekannter Weise durch chemische Synthese aus den Nukleotidbausteinen wie beispielsweise durch Fragmentkondensation einzelner überlappenden, komplementärer Nukleinsäurebausteine der Doppelhelix herstellbar. Die chemische Synthese von Oligonukleotiden kann beispielsweise, in bekannter Weise, nach der Phosphoamiditmethode (Voet, Voet, 2. Auflage, Wiley Press New York, Seite 896-897) erfolgen. Die Anlagerung synthetischer Oligonukleotide und Auffüllen von Lücken mithilfe des Klenow-Fragmentes der DNA-Polymerase und Ligationsreaktionen sowie allgemeine Klonierungsverfahren werden in Sambrook et al. (1989), Molecular cloning: A laboratory manual, Cold Spring Harbor Laboratory Press, beschrieben.

- Besonders bevorzugt werden im erfindungsgemäßen Verfahren genetisch veränderte Organismen mit folgenden Kombinationen genetischer Veränderungen verwendet:

- Genetisch veränderte Organismen, die im Vergleich zum Wildtyp eine erhöhte oder verursachte Ketolase-Aktivität und eine erhöhte Hydroxylase-Aktivität aufweisen,
- genetisch veränderte Organismen, die im Vergleich zum Wildtyp eine erhöhte oder verursachte Ketolase-Aktivität und eine erhöhte  $\beta$ -Cyclase-Aktivität aufweisen und

- genetisch veränderte Organismen, die im Vergleich zum Wildtyp eine erhöhte oder verursachte Ketolase-Aktivität und eine erhöhte Hydroxylase-Aktivität und eine erhöhte  $\beta$ -Cyclase-Aktivität aufweisen.
- Die Herstellung dieser genetisch veränderten Organismen kann, wie nachstehend beschrieben, beispielsweise durch Einbringen einzelner Nukleinsäurekonstrukte (Expressionskassetten) oder durch Einbringen von Mehrfachkonstrukten erfolgen, die bis zu zwei oder drei der beschriebenen Aktivitäten enthalten.

35

Unter Organismen werden erfindungsgemäß vorzugsweise Organismen verstanden, die als Wildtyp- oder Ausgangsorganismen natürlicherweise oder durch genetische Komplementation und/oder Umregulierung der Stoffwechselwege in der Lage sind, Carotinoide, insbesondere  $\beta$ -

Carotin und/oder Zeaxanthin und/oder Neoxanthin und/oder Violaxanthin und/oder Lutein herzustellen.

- 5 Weiter bevorzugte Organismen weisen als Wildtyp- oder Ausgangsorganismen bereits eine Hydroxylase-Aktivität auf und sind somit als Wildtyp- oder Ausgangsorganismen in der Lage, Zeaxanthin herzustellen.

10 Bevorzugte Organismen sind Pflanzen oder Mikroorganismen, wie beispielsweise Bakterien, Hefen, Algen oder Pilze.

- 10 Als Bakterien können sowohl Bakterien verwendet werden, die aufgrund des Einbringens von Genen der Carotinoidbiosynthese eines Carotinoid-produzierenden Organismus in der Lage sind, Xanthophylle zu synthetisieren, wie beispielsweise Bakterien der Gattung *Escherichia*, die beispielsweise crt-Gene aus *Erwinia* enthalten, als auch Bakterien, die von sich aus in der Lage sind, Xanthophylle zu synthetisieren wie beispielsweise Bakterien der Gattung *Erwinia*, *Agrobacterium*, *Flavobacterium*, *Alcaligenes*, *Paracoccus*, *Nostoc* oder Cyanobakterien der Gattung *Synechocystis*.

- 20 Bevorzugte Bakterien sind *Escherichia coli*, *Erwinia herbicola*, *Erwinia uredovora*, *Agrobacterium aurantiacum*, *Alcaligenes* sp. PC-1, *Flavobacterium* sp. strain R1534, das Cyanobacterium *Synechocystis* sp. PCC6803, *Paracoccus marcusii* oder *Paracoccus carotinifaciens*.

Bevorzugte Hefen sind *Candida*, *Saccharomyces*, *Hansenula*, *Pichia* oder *Phaffia*. Besonders bevorzugte Hefen sind *Xanthophyllomyces dendrorhous* oder *Phaffia rhodozyma*.

- 25 Bevorzugte Pilze sind *Aspergillus*, *Trichoderma*, *Ashbya*, *Neurospora*, *Blakeslea*, *Phycomyces*, *Fusarium* oder weitere in Indian Chem. Engr. Section B. Vol. 37, No. 1, 2 (1995) auf Seite 15, Tabelle 6 beschriebene Pilze.

- 30 Bevorzugte Algen sind Grünalgen, wie beispielsweise Algen der Gattung *Haematococcus*, *Phaedactylum tricornutum*, *Volvox* oder *Dunaliella*. Besonders bevorzugte Algen sind *Haematococcus puvialis* oder *Dunaliella bardawil*.

- 35 Weitere brauchbare Mikroorganismen und deren Herstellung zur Durchführung des erfindungsgemäßen Verfahrens sind beispielsweise aus der DE-A-199 16 140 bekannt, worauf hiermit Bezug genommen wird.

Besonders bevorzugte Pflanzen sind Pflanzen ausgewählt aus den Familien Ranunculaceae, Berberidaceae, Papaveraceae, Cannabaceae, Rosaceae, Fabaceae, Linaceae, Vitaceae, Bras-



sicaceae, Cucurbitaceae, Primulaceae, Caryophyllaceae, Amaranthaceae, Gentianaceae, Geraniaceae, Caprifoliaceae, Oleaceae, Tropaeolaceae, Solanaceae, Scrophulariaceae, Astera-ceae, Liliaceae, Amaryllidaceae, Poaceae, Orchidaceae, Malvaceae, Iliaceae oder Lamiaceae.

- 5 Ganz besonders bevorzugte Pflanzen sind ausgewählt aus der Gruppe der Pflanzengattungen *Marigold*, *Tagetes erecta*, *Tagetes patula*, *Acacia*, *Aconitum*, *Adonis*, *Arnica*, *Aquilegia*, *Aster*, *Astragalus*, *Bigonia*, *Calendula*, *Caltha*, *Campanula*, *Canna*, *Centaurea*, *Cheiranthus*, *Chrysanthemum*, *Citrus*, *Crepis*, *Crocus*, *Curcubita*, *Cytisus*, *Delonia*, *Delphinium*, *Dianthus*, *Dimorphotheca*, *Doronicum*, *Eschscholtzia*, *Forsythia*, *Fremontia*, *Gazania*, *Gelsemium*, *Genista*,  
10 *Gentiana*, *Geranium*, *Gerbera*, *Geum*, *Grevillea*, *Helenium*, *Helianthus*, *Hepatica*, *Heracleum*, *Hibiscus*, *Heliosis*, *Hypericum*, *Hypochoeris*, *Impatiens*, *Iris*, *Jacaranda*, *Kerria*, *Laburnum*, *Lathyrus*, *Leontodon*, *Lilium*, *Linum*, *Lotus*, *Lycopersicon*, *Lysimachia*, *Maratia*, *Medicago*, *Mimulus*, *Narcissus*, *Oenothera*, *Osmanthus*, *Petunia*, *Photinia*, *Physalis*, *Phyteuma*, *Potentilla*, *Pyra-cantha*, *Hanunculus*, *Rhododendron*, *Rosa*, *Rudbeckia*, *Senecio*, *Silene*, *Silphium*, *Sinapis*,  
15 *Sorbus*, *Spartium*, *Tecoma*, *Torenia*, *Tragopogon*, *Trollius*, *Tropaeolum*, *Tulipa*, *Tussilago*, *Ulex*, *Viola* oder *Zinnia*, besonders bevorzugt ausgewählt aus der Gruppe der Pflanzengattungen *Marigold*, *Tagetes erecta*, *Tagetes patula*, *Lycopersicon*, *Rosa*, *Calendula*, *Physalis*, *Medicago*, *Helianthus*, *Chrysanthemum*, *Aster*, *Tulipa*, *Narcissus*, *Petunia*, *Geranium*, *Tropaeolum* oder *Adonis*.

- 20 Im erfindungsgemäßen Verfahren zur Herstellung von Ketocarotinoiden wird vorzugsweise dem Kultivierungsschritt der genetisch veränderten Organismen ein Ernten der Organismen und weiter bevorzugt zusätzlich ein Isolieren von Ketocarotinoiden aus den Organismen angeschlossen.

- 25 Das Ernten der Organismen erfolgt in an sich bekannter Weise dem jeweiligen Organismus entsprechend. Mikroorganismen, wie Bakterien, Hefen, Algen oder Pilze oder Pflanzenzellen, die durch Fermentation in flüssigen Nährmedien kultiviert werden, können beispielsweise durch Zentrifugieren, Dekantieren oder Filtrieren abgetrennt werden. Pflanzen werden in an sich bekannter Weise auf Nährböden gezogen und entsprechend geerntet.

- 30 Die Kultivierung der genetisch veränderten Mikroorganismen erfolgt bevorzugt in Gegenwart von Sauerstoff bei einer Kultivierungstemperatur von mindestens etwa 20°C, wie z.B. 20°C bis 40°C, und einem pH-Wert von etwa 6 bis 9. Bei genetisch veränderten Mikroorganismen erfolgt vorzugsweise zunächst die Kultivierung der Mikroorganismen in Gegenwart von Sauerstoff und in  
35 einem Komplexmedium, wie z.B. TB- oder LB- Medium bei einer Kultivierungstemperatur von etwa 20°C oder mehr, und einem pH-Wert von etwa 6 bis 9, bis eine ausreichende Zelldichte erreicht ist. Um die Oxidationsreaktion besser steuern zu können, bevorzugt man die Verwendung eines induzierbaren Promotors. Die Kultivierung wird nach Induktion der Ketolaseexpression in Gegenwart von Sauerstoff, z.B. 12 Stunden bis 3 Tage, fortgesetzt.

Die Isolierung der Ketocarotinoide aus der geernteten Biomasse erfolgt in an sich bekannter Weise, beispielsweise durch Extraktion und gegebenenfalls weiterer chemische oder physikalischer Reinigungsprozesse, wie beispielsweise Fällungsverfahren, Kristallographie, thermische Trennverfahren, wie Rektifizierverfahren oder physikalische Trennverfahren, wie beispielsweise Chromatographie.

Wie nachstehend erwähnt, können die Ketocarotinoide in den erfindungsgemäßen, genetisch veränderten Pflanzen vorzugsweise in verschiedenen Pflanzengeweben, wie beispielsweise Samen, Blätter, Früchte, Blüten, insbesondere in Blütenblättern spezifisch hergestellt werden.

Die Isolierung von Ketocarotinoiden aus den geernteten Blütenblättern erfolgt in an sich bekannter Weise, beispielsweise durch Trocknung und anschließender Extraktion und gegebenenfalls weiterer chemischer oder physikalischer Reinigungsprozesse, wie beispielsweise Fällungsverfahren, Kristallographie, thermische Trennverfahren, wie Rektifizierverfahren oder physikalische Trennverfahren, wie beispielsweise Chromatographie. Die Isolierung von Ketocarotinoiden aus den Blütenblättern erfolgt beispielsweise bevorzugt durch organische Lösungsmittel wie Aceton, Hexan, Ether oder tert.-Methylbutylether.

Weitere Isolierverfahren von Ketocarotinoiden, insbesondere aus Blütenblättern, sind beispielsweise in Egger und Kleinig (Phytochemistry (1967) 6, 437-440) und Egger (Phytochemistry (1965) 4, 609-618) beschrieben.

Vorzugsweise sind die Ketocarotinoide ausgewählt aus der Gruppe Astaxanthin, Canthaxanthin, Echinenon, 3-Hydroxyechinenon, 3'-Hydroxyechinenon, Adonirubin und Adonixanthin.

Ein besonders bevorzugtes Ketocarotinoid ist Astaxanthin.

Je nach verwendetem Organismus fallen die Ketocarotinoide in freier Form oder als Fettsäureester an.

In Blütenblättern von Pflanzen fallen die Ketocarotinoide im erfindungsgemäßen Verfahren in Form ihrer Mono- oder Diester mit Fettsäuren an. Einige nachgewiesene Fettsäuren sind z.B. Myristinsäure, Palmitinsäure, Stearinsäure, Ölsäure, Linolensäure, und Laurinsäure (Kamata und Simpson (1987) Comp. Biochem. Physiol. Vol. 86B(3), 587-591).

Die Herstellung der Ketocarotinoide kann in der ganzen Pflanze oder in einer bevorzugten Ausführungsform spezifisch in Pflanzengeweben, die Chromoplasten enthalten, erfolgen. Bevorzugt

te Pflanzengewebe sind beispielsweise Wurzeln, Samen, Blätter, Früchte, Blüten und insbesondere Nektarien und Blütenblätter, die auch Petalen bezeichnet werden.

5 In einer besonderen bevorzugten Ausführungsform der erfindungsgemäßen Verfahrens verwendet man genetisch veränderte Pflanzen, die in Blüten die höchste Expressionsrate einer Ketolase aufweisen.

10 Vorzugsweise wird dies dadurch erreicht, dass die Genexpression der Ketolase unter Kontrolle eines blütenspezifischen Promotors erfolgt. Beispielsweise werden dazu die vorstehend beschriebenen Nukleinsäuren, wie nachstehend ausführlich beschrieben, in einem Nukleinsäurekonstrukt funktionell verknüpft mit einem blütenspezifischen Promotor in die Pflanze eingebracht.

15 In einer weiteren, besonderes bevorzugten Ausführungsform der erfindungsgemäßen Verfahrens verwendet man genetisch veränderte Pflanzen, die in Früchten die höchste Expressionsrate einer Ketolase aufweisen.

20 Vorzugsweise wird dies dadurch erreicht, dass die Genexpression der Ketolase unter Kontrolle eines fruchtspezifischen Promotors erfolgt. Beispielsweise werden dazu die vorstehend beschriebenen Nukleinsäuren, wie nachstehend ausführlich beschrieben, in einem Nukleinsäurekonstrukt funktionell verknüpft mit einem fruchtspezifischen Promotor in die Pflanze eingebracht.

25 In einer weiteren, besonderes bevorzugten, Ausführungsform der erfindungsgemäßen Verfahrens verwendet man genetisch veränderte Pflanzen, die in Samen die höchste Expressionsrate einer Ketolase aufweisen.

30 Vorzugsweise wird dies dadurch erreicht, dass die Genexpression der Ketolase unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors erfolgt. Beispielsweise werden dazu die vorstehend beschriebenen Nukleinsäuren, wie nachstehend ausführlich beschrieben, in einem Nukleinsäurekonstrukt funktionell verknüpft mit einem samenspezifischen Promotor in die Pflanze eingebracht.

35 Das Targeting in die Chromoplasten erfolgt durch ein funktionell verknüpftes plastidäres Transitpeptid.

Im folgenden wird exemplarisch die Herstellung genetisch veränderter Pflanzen mit erhöhter oder verursachter Ketolase-Aktivität beschrieben. Die Erhöhung weiterer Aktivitäten, wie beispielsweise der Hydroxylase-Aktivität und/oder der  $\beta$ -Cyclase-Aktivität kann analog unter Verwendung von Nukleinsäuresequenzen, kodierend eine Hydroxylase bzw.  $\beta$ -Cyclase anstelle von

Nukleinsäuresequenzen, kodierend eine Ketolase, erfolgen. Die Transformation kann bei den Kombinationen von genetischen Veränderungen einzeln oder durch Mehrfachkonstrukte erfolgen.

- 5 Die Herstellung der transgenen Pflanzen erfolgt vorzugsweise durch Transformation der Ausgangspflanzen, mit einem Nukleinsäurekonstrukt, das die vorstehend beschriebenen Nukleinsäuren, kodierend eine Ketolase enthält, die mit einem oder mehreren Regulationssignalen funktionell verknüpft sind, die die Transkription und Translation in Pflanzen gewährleisten.
- 10 Diese Nukleinsäurekonstrukte, in denen die kodierende Nukleinsäuresequenz mit einem oder mehreren Regulationssignalen funktionell verknüpft sind, die die Transkription und Translation in Pflanzen gewährleisten, werden im folgenden auch Expressionskassetten genannt.

- Vorzugsweise enthalten die Regulationssignale einen oder mehrere Promotoren, die die
- 15 Transkription und Translation in Pflanzen gewährleisten.

- Die Expressionskassetten beinhalten Regulationssignale, also regulative Nukleinsäuresequenzen, welche die Expression der kodierenden Sequenz in der Wirtszelle steuern. Gemäß einer bevorzugten Ausführungsform umfasst eine Expressionskassette stromaufwärts, d.h. am 5'-
- 20 Ende der kodierenden Sequenz, einen Promotor und stromabwärts, d.h. am 3'-Ende, ein Polyadenylierungssignal und gegebenenfalls weitere regulatorische Elemente, welche mit der dazwischenliegenden kodierenden Sequenz für mindestens eines der vorstehend beschriebenen Gene operativ verknüpft sind. Unter einer operativen Verknüpfung versteht man die sequenzielle Anordnung von Promotor, kodierender Sequenz, Terminator und ggf. weiterer regulativer Elemente derart, das jedes der regulativen Elemente seine Funktion bei der Expression der kodierenden Sequenz bestimmungsgemäß erfüllen kann.
- 25

- Im folgenden werden beispielhaft die bevorzugten Nukleinsäurekonstrukte, Expressionskassetten und Vektoren für Pflanzen und Verfahren zur Herstellung von transgenen Pflanzen, sowie
- 30 die transgenen Pflanzen selbst beschrieben.

- Die zur operativen Verknüpfung bevorzugten, aber nicht darauf beschränkten Sequenzen, sind Targeting-Sequenzen zur Gewährleistung der subzellulären Lokalisation im Apoplasten, in der Vakuole, in Plastiden, im Mitochondrium, im Endoplasmatischen Retikulum (ER), im Zellkern, in
- 35 Ölkörperchen oder anderen Kompartimenten und Translationsverstärkern wie die 5'-Führungssequenz aus dem Tabak-Mosaik-Virus (Gallie et al., Nucl. Acids Res. 15 (1987), 8693 -8711).

Als Promotor der Expressionskassette ist grundsätzlich jeder Promotor geeignet, der die Expression von Fremdgenden in Pflanzen steuern kann.

- "Konstitutiver" Promotor meint solche Promotoren, die eine Expression in zahlreichen, bevorzugt allen, Geweben über einen größeren Zeitraum der Pflanzenentwicklung, bevorzugt zu allen Zeitpunkten der Pflanzenentwicklung, gewährleisten.

- Vorzugsweise verwendet man insbesondere einen pflanzlichen Promotor oder einen Promotor, der einem Pflanzenvirus entstammt. Insbesondere bevorzugt ist der Promotor des 35S-Transkripts des CaMV Blumenkohlmosaikvirus (Franck et al. (1980) Cell 21:285-294; Odell et al. (1985) Nature 313:810-812; Shewmaker et al. (1985) Virology 140:281-288; Gardner et al. (1986) Plant Mol Biol 6:221-228), der 19S CaMV Promotor (US 5,352,605; WO 84/02913; Benfey et al. (1989) EMBO J 8:2195-2202), den Triose-Phosphat Translokator (TPT) Promotor aus *Arabidopsis thaliana* Acc.-No. AB006698, Basenpaar 53242 bis 55281; das Gen beginnend ab bp 55282 ist mit "phosphate/triose-phosphate translocator" annotiert, oder den 34S Promotor aus Figwort mosaic virus Acc.-No. X16673, Basenpaar 1 bis 554.

- Ein weiterer geeigneter konstitutiver Promotor ist der pds Promotor (Pecker et al. (1992) Proc. Natl. Acad. Sci USA 89:4962-4966) oder der "Rubisco small subunit (SSU)"-Promotor (US 4,962,028), der LeguminB-Promotor (GenBank Acc.-Nr. X03677), der Promotor der Nopalinsynthase aus *Agrobacterium*, der TR-Doppelpromotor, der OCS (Octopin Synthase) Promotor aus *Agrobacterium*, der Ubiquitin Promotor (Holtorf S et al. (1995) Plant Mol Biol 29:637-649), der Ubiquitin 1 Promotor (Christensen et al. (1992) Plant Mol Biol 18:675-689; Bruce et al. (1989) Proc Natl Acad Sci USA 86:9692-9696), der Smas Promotor, der Cinnamylalkoholdehydrogenase-Promotor (US 5,683,439), die Promotoren der vakuolären ATPase Untereinheiten oder der Promotor eines prolinreichen Proteins aus Weizen (WO 91/13991), der Pnlt-Promotor (Y07648.L, Hillebrand et al. (1998), Plant. Mol. Biol. 36, 89-99, Hillebrand et al. (1996), Gene, 170, 197-200) sowie weitere Promotoren von Genen, deren konstitutive Expression in Pflanzen dem Fachmann bekannt ist.

- Die Expressionskassetten können auch einen chemisch induzierbaren Promotor enthalten (Übersichtsartikel: Gatz et al. (1997) Annu Rev Plant Physiol Plant Mol Biol 48:89-106), durch den die Expression des Ketolase-Gens in der Pflanze zu einem bestimmten Zeitpunkt gesteuert werden kann. Derartige Promotoren, wie z.B. der PRP1 Promotor (Ward et al. (1993) Plant Mol Biol 22:361-366), ein durch Salicylsäure induzierbarer Promotor (WO 95/19443), ein durch Benzolsulfonamid-induzierbarer Promotor (EP 0 388 186), ein durch Tetracyklin-induzierbarer Promotor (Gatz et al. (1992) Plant J 2:397-404), ein durch Abscisinsäure induzierbarer Promotor (EP 0 335 528) bzw. ein durch Ethanol- oder Cyclohexanon-induzierbarer Promotor (WO 93/21334) können ebenfalls verwendet werden.

Ferner sind Promotoren bevorzugt, die durch biotischen oder abiotischen Stress induziert werden wie beispielsweise der pathogen-induzierbare Promotor des PRP1-Gens (Ward et al. (1993) Plant Mol Biol 22:361-366), der hitzeinduzierbare hsp70- oder hsp80-Promotor aus Tomate (US 5,187,267), der kälteinduzierbare alpha-Amylase Promoter aus der Kartoffel (WO 96/12814),  
5 der licht-induzierbare PPK Promotor oder der verwundungsinduzierte pinII-Promotor (EP375091).

- 10 Pathogen-induzierbare Promotoren umfassen die von Genen, die infolge eines Pathogenbefalls induziert werden wie beispielsweise Gene von PR-Proteinen, SAR-Proteinen, b-1,3-Glucanase, Chitinase usw. (beispielsweise Redolfi et al. (1983) Neth J Plant Pathol 89:245-254; Uknes, et al. (1992) The Plant Cell 4:645-656; Van Loon (1985) Plant Mol Biol 4:111-116; Marineau et al. (1987) Plant Mol Biol 9:335-342; Matton et al. (1987) Molecular Plant-Microbe Interactions 2:325-342; Somssich et al. (1986) Proc Natl Acad Sci USA 83:2427-2430; Somssich et al.  
15 (1988) Mol Gen Genetics 2:93-98; Chen et al. (1996) Plant J 10:955-966; Zhang and Sing (1994) Proc Natl Acad Sci USA 91:2507-2511; Warner, et al. (1993) Plant J 3:191-201; Siebertz et al. (1989) Plant Cell 1:961-968(1989).

- Umfasst sind auch verwundungsinduzierbare Promotoren wie der des pinII-Gens (Ryan (1990) Ann Rev Phytopath 28:425-449; Duan et al. (1996) Nat Biotech 14:494-498), des wun1 und wun2-Gens (US 5,428,148), des win1- und win2-Gens (Stanford et al. (1989) Mol Gen Genet 215:200-208), des Systemin-Gens (McGurl et al. (1992) Science 225:1570-1573), des WIP1-Gens (Rohmeier et al. (1993) Plant Mol Biol 22:783-792; Ekelkamp et al. (1993) FEBS Letters 323:73-76), des MPI-Gens (Corderok et al. (1994) The Plant J 6(2):141-150) und dergleichen.  
20

- 25 Weitere geeignete Promotoren sind beispielsweise fruchtreifung-spezifische Promotoren, wie beispielsweise der fruchtreifung-spezifische Promotor aus Tomate (WO 94/21794, EP 409 625). Entwicklungsabhängige Promotoren schließt zum Teil die gewebespezifischen Promotoren ein, da die Ausbildung einzelner Gewebe naturgemäß entwicklungsabhängig erfolgt.

- 30 Weiterhin sind insbesondere solche Promotoren bevorzugt, die die Expression in Geweben oder Pflanzenteilen sicherstellen, in denen beispielsweise die Biosynthese von Ketocarotinoiden bzw. dessen Vorstufen stattfindet. Bevorzugt sind beispielsweise Promotoren mit Spezifitäten für die Antheren, Ovarien, Petalen, Sepalen, Blüten, Blätter, Stengel, Samen und Wurzeln und Kombinationen hieraus.  
35

Knollen-, Speicherwurzel- oder Wurzel-spezifische Promotoren sind beispielsweise der Patatin-Promotor Klasse I (B33) oder der Promotor des Cathepsin D Inhibitors aus Kartoffel.

Blattspezifische Promotoren sind beispielsweise der Promotor der cytosolischen FBPase aus Kartoffel (WO 97/05900), der SSU Promotor (small subunit) der Rubisco (Ribulose-1,5-bisphosphatcarboxylase) oder der ST-LSI Promotor aus Kartoffel (Stockhaus et al. (1989) EMBO J 8:2445-2451).

5

Blütenspezifische Promotoren sind beispielsweise der Phytoen-Synthase Promotor (WO 92/16635) oder der Promotor des P-rr Gens (WO 98/22593), der AP3 Promotor aus *Arabidopsis thaliana* (siehe Beispiel 5), der CHRC-Promotor (Chromoplast-specific carotenoid-associated protein (CHRC) gene promoter aus *Cucumis sativus* Acc.-No. AF099501, Basenpaar 1 bis 1532), der EPSP-Synthase Promotor (5-enolpyruvylshikimate-3-phosphate synthase gene promoter aus *Petunia hybrida*, Acc.-No. M37029, Basenpaar 1 bis 1788), der PDS Promotor (Phytoene desaturase gene promoter aus *Solanum lycopersicum*, Acc.-No. U46919, Basenpaar 1 bis 2078), der DFR-A Promotor (Dihydroflavonol 4-reductase gene A promoter aus *Petunia hybrida*, Acc.-No. X79723, Basenpaar 32 bis 1902) oder der FBP1 Promotor (Floral Binding Protein 1 gene promoter aus *Petunia hybrida*, Acc.-No. L10115, Basenpaar 52 bis 1069).

10

15

Antheren-spezifische Promotoren sind beispielsweise der 5126-Promotor (US 5,689,049, US 5,689,051), der glob-I Promotor oder der g-Zein Promotor.

20

Samen-spezifische Promotoren sind beispielsweise der ACP05-Promotor (Acyl-carrier-Protein Gen, WO9218634), die Promotoren AtS1 und AtS3 von *Arabidopsis* (WO 9920775), der LeB4-Promotor von *Vicia faba* (WO 9729200 und US 06403371), der Napin-Promotor von *Brassica napus* (US 5606152; EP 255378; US 5420034), der SBP-Promotor von *Vicia faba* (DE 9903432) oder die Maispromotoren End1 und End2 (WO 0011177).

25

Weitere zur Expression in Pflanzen geeignete Promotoren sind beschrieben in Rogers et al. (1987) Meth in Enzymol 153:253-277; Schardl et al. (1987) Gene 61:1-11 und Berger et al. (1989) Proc Natl Acad Sci USA 86:8402-8406).

30

Besonders bevorzugt im erfindungsgemäßen Verfahren sind konstitutive, samenspezifische, fruchtspezifische, blütenspezifische und insbesondere blütenblattspezifische Promotoren.

35

Die vorliegende Erfindung betrifft daher insbesondere ein Nukleinsäurekonstrukt, enthaltend funktionell verknüpft einen blütenspezifischen oder insbesondere einen blütenblattspezifischen Promotor und eine Nukleinsäure, kodierend eine Ketolase, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 42 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist.

- Die Herstellung einer Expressionskassette erfolgt vorzugsweise durch Fusion eines geeigneten Promotors mit einer vorstehend beschriebenen Nukleinsäure, kodierend eine Ketolase, und vorzugsweise einer zwischen Promotor und Nukleinsäure-Sequenz inserierten Nukleinsäure, die für ein plastidenspezifisches Transitpeptid kodiert, sowie einem Polyadenylierungssignal nach gängigen Rekombinations- und Klonierungstechniken, wie sie beispielsweise in T. Maniatis, E.F. Fritsch und J. Sambrook, *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*, Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, NY (1989) sowie in T.J. Silhavy, M.L. Berman und L.W. Enquist, *Experiments with Gene Fusions*, Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, NY (1984) und in Ausubel, F.M. et al., *Current Protocols in Molecular Biology*, Greene Publishing Assoc. and Wiley-Interscience (1987), beschrieben sind.

- Die vorzugsweise inserierte Nukleinsäuren, kodierend ein plastidäres Transitpeptid, gewährleisten die Lokalisation in Plastiden und insbesondere in Chromoplasten.
- Es können auch Expressionskassetten verwendet werden, deren Nukleinsäure-Sequenz für ein Ketolase-Fusionsprotein kodiert, wobei ein Teil des Fusionsproteins ein Transitpeptid ist, das die Translokation des Polypeptides steuert. Bevorzugt sind für die Chromoplasten spezifische Transitpeptide, welche nach Translokation der Ketolase in die Chromoplasten vom Ketolase-Teil enzymatisch abgespalten werden.

- Insbesondere bevorzugt ist das Transitpeptid, das von der plastidären *Nicotiana tabacum* Transketolase oder einem anderen Transitpeptid (z.B. dem Transitpeptid der kleinen Untereinheit der Rubisco (rbcS) oder der Ferredoxin NADP Oxidoreduktase als auch der isopentenylpyrophosphat Isomerase-2) oder dessen funktionellem Äquivalent abgeleitet ist.

- Besonders bevorzugt sind Nukleinsäure-Sequenzen von drei Kassetten des Plastiden-Transitpeptids der plastidären Transketolase aus Tabak in drei Leserastern als KpnI/BamHI Fragmente mit einem ATG-Codon in der NcoI Schnittstelle:

- 30 pTP09

- KpnI\_GGTACCATGGCGTCTTCTTCTCTCACTCTCTCTCAAGCTATCCTCTCTCGTTCTG  
TCCCTCGCCATGGCTCTGCTCTTCTTCTCAACTTTCGCTTCTCTCT-  
CACTTTTCCGGCCTTAAATCCAATCCCAATATCACCACCTCCCGCCGCCG-  
35 TACTCCTTCTCTCGCCGCCGCCGCCGCGTCTGTAAGGTACCGGCGATTCTGTCCT-  
CAGCTGCAACCGAAACCATAGAGAAAAGTCTGAGACTGCGGGATCC\_BamHI

pTP10



KpnI GGTACCATGGCGTCTTCTTCTCTCACTCTCTCTCAAGCTATCCTCTCTCGTTCTG  
 TCCTCGCCATGGCTCTGCCTCTTCTTCTCAACTTCCCTTCTTCTCT-  
 CACTTTTTCCGGCCTTAAATCCAATCCAATATCACCACTCCCGCCGCCG-  
 TACTCCTTCTCCGCCGCCGCCGCCGCGTCTAAGGTCACCGCGGATTCTGTGCCT-  
 5 CAGCTGCAACCGAAACCATAGAGAAAAC TGAGACTGCBCTGGATCC\_BamHI

pTP11

KpnI GGTACCATGGCGTCTTCTTCTCTCACTCTCTCTCAAGCTATCCTCTCTCGTTCTG  
 10 TCCTCGCCATGGCTCTGCCTCTTCTTCTCAACTTCCCTTCTTCTCT-  
 CACTTTTTCCGGCCTTAAATCCAATCCAATATCACCACTCCCGCCGCCG-  
 TACTCCTTCTCCGCCGCCGCCGCCGCGTCTAAGGTCACCGCGGATTCTGTGCCT-  
 CAGCTGCAACCGAAACCATAGAGAAAAC TGAGACTGCGGGGATCC\_BamHI

15 Weitere Beispiele für ein plastidäres Transitpeptid sind das Transitpeptid der plastidären isopen-  
 tenyl-pyrophosphat Isomerase-2 (IPP-2) aus *Arabidopsis thaliana* und das Transitpeptid der  
 kleinen Untereinheit der Ribulosebiphosphat Carboxylase (rbcS) aus Erbsen (Guerineau, F,  
 Woolston, S, Brooks, L, Mullineaux, P (1988) An expression cassette for targeting foreign prote-  
 ins into the chloroplasts. *Nucl. Acids Res.* 16: 11380).

20 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäuren können synthetisch hergestellt oder natürlich gewonnen  
 sein oder eine Mischung aus synthetischen und natürlichen Nukleinsäure-Bestandteilen enthal-  
 ten, sowie aus verschiedenen heterologen Genabschnitten verschiedener Organismen beste-  
 hen.

25 Bevorzugt sind, wie vorstehend beschrieben, synthetische Nukleotid-Sequenzen mit Kodons, die  
 von Pflanzen bevorzugt werden. Diese von Pflanzen bevorzugten Kodons können aus Kodons  
 mit der höchsten Proteinhäufigkeit bestimmt werden, die in den meisten interessanten Pflanzen-  
 speizes exprimiert werden.

30 Bei der Präparation einer Expressionskassette können verschiedene DNA-Fragmente manipu-  
 liert werden, um eine Nukleotid-Sequenz zu erhalten, die zweckmäßigerweise in der korrekten  
 Richtung liest und die mit einem korrekten Leseraster ausgestattet ist. Für die Verbindung der  
 DNA-Fragmente miteinander können an die Fragmente Adaptoren oder Linker angesetzt wer-  
 35 den.

Zweckmäßigerweise können die Promotor- und die Terminator-Regionen in Transkriptionsrich-  
 tung mit einem Linker oder Polylinker, der eine oder mehrere Restriktionsstellen für die Insertion  
 dieser Sequenz enthält, versehen werden. In der Regel hat der Linker 1 bis 10, meistens 1 bis 8,

- vorzugsweise 2 bis 6 Restriktionsstellen. Im allgemeinen hat der Linker innerhalb der regulatorischen Bereiche eine Größe von weniger als 100 bp, häufig weniger als 60 bp, mindestens jedoch 5 bp. Der Promotor kann sowohl nativ bzw. homolog als auch fremdartig bzw. heterolog zur Wirtspflanze sein. Die Expressionskassette beinhaltet vorzugsweise in der 5'-3'-
- 5 Transkriptionsrichtung den Promotor, eine kodierende Nukleinsäuresequenz oder ein Nukleinsäurekonstrukt und eine Region für die transkriptionale Termination. Verschiedene Terminationsbereiche sind gegeneinander beliebig austauschbar.
- Beispiele für einen Terminator sind der 35S-Terminator (Guerineau et al. (1988) Nucl Acids Res. 16: 11380), der nos Terminator (Depicker A, Stachel S, Dhaese P, Zambryski P, Goodman HM. Nopaline synthase: transcript mapping and DNA sequence. J Mol Appl Genet. 1982;1(6):561-73) oder der ocs Terminator (Gielen, J, de Beuckeleer, M, Seurinck, J, Debroek, H, de Greve, H, Lemmers, M, van Montagu, M, Schell, J (1984) The complete sequence of the TL-DNA of the *Agrobacterium tumefaciens* plasmid pTiAch5. EMBO J. 3: 835-846).
- 15 Ferner können Manipulationen, die passende Restriktionsschnittstellen bereitstellen oder die überflüssige DNA oder Restriktionsschnittstellen entfernen, eingesetzt werden. Wo Insertionen, Deletionen oder Substitutionen wie z.B. Transitionen und Transversionen in Frage kommen, können *in vitro*-Mutagenese, "primer-repair", Restriktion oder Ligation verwendet werden.
- 20 Bei geeigneten Manipulationen, wie z.B. Restriktion, "chewing-back" oder Auffüllen von Überhängen für "bluntends", können komplementäre Enden der Fragmente für die Ligation zur Verfügung gestellt werden.
- 25 Bevorzugte Polyadenylierungssignale sind pflanzliche Polyadenylierungssignale, vorzugsweise solche, die im wesentlichen T-DNA-Polyadenylierungssignale aus *Agrobacterium tumefaciens*, insbesondere des Gens 3 der T-DNA (Octoplin Synthase) des Ti-Plasmids pTiACH5 entsprechen (Gielen et al., EMBO J. 3 (1984), 835 ff) oder funktionelle Äquivalente.
- 30 Die Übertragung von Fremdgenen in das Genom einer Pflanze wird als Transformation bezeichnet.
- Dazu können an sich bekannte Methoden zur Transformation und Regeneration von Pflanzen aus Pflanzengewebe oder Pflanzenzellen zur transienten oder stabilen Transformation genutzt
- 35 werden.

Geeignete Methoden zur Transformation von Pflanzen sind die Protoplastentransformation durch Polyethylenglykol-induzierte DNA-Aufnahme, das biolistische Verfahren mit der Genkanone – die sogenannte "particle bombardment" Methode, die Elektroporation, die Inkubation tro-

okener Embryonen in DNA-haltiger Lösung, die Mikroinjektion und der, vorstehend beschriebene, durch *Agrobacterium* vermittelte Gentransfer. Die genannten Verfahren sind beispielsweise in B. Jenes et al., Techniques for Gene Transfer, in: Transgenic Plants, Vol. 1, Engineering and Utilization, herausgegeben von S.D. Kung und R. Wu, Academic Press (1993), 128-143 sowie in 5 Potrykus, Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Molec. Biol. 42 (1991), 205-225 beschrieben.

Vorzugsweise wird das zu exprimierende Konstrukt in einen Vektor kloniert, der geeignet ist, *Agrobacterium tumefaciens* zu transformieren, beispielsweise pBin19 (Bevan et al., Nucl. Acids Res. 12 (1984), 8711) oder besonders bevorzugt pSUN2, pSUN3, pSUN4 oder pSUN5 (WO 10 02/00900).

Mit einem Expressionsplasmid transformierte Agrobakterien können in bekannter Weise zur Transformation von Pflanzen verwendet werden, z.B. indem verwundete Blätter oder Blattstücke in einer Agrobakterienlösung gebadet und anschließend in geeigneten Medien kultiviert werden.

15 Zur bevorzugten Herstellung von genetisch veränderten Pflanzen, im folgenden auch transgene Pflanzen bezeichnet, wird die fusionierte Expressionskassette, die eine Ketolase exprimiert, in einen Vektor, beispielsweise pBin19 oder insbesondere pSUN5 und pSUN3 kloniert, der geeignet ist, in *Agrobacterium tumefaciens* transformiert zu werden. Mit einem solchen Vektor trans- 20 formierte Agrobakterien können dann in bekannter Weise zur Transformation von Pflanzen, insbesondere von Kulturpflanzen verwendet werden, indem beispielsweise verwundete Blätter oder Blattstücke in einer Agrobakterienlösung gebadet und anschließend in geeigneten Medien kultiviert werden.

25 Die Transformation von Pflanzen durch Agrobakterien ist unter anderem bekannt aus F.F. White, Vectors for Gene Transfer in Higher Plants; in Transgenic Plants, Vol. 1, Engineering and Utilization, herausgegeben von S.D. Kung und R. Wu, Academic Press, 1993, S. 15-38. Aus den transformierten Zellen der verwundeten Blätter bzw. Blattstücke können in bekannter Weise transgene Pflanzen regeneriert werden, die ein in die Expressionskassette integriertes Gen 30 für die Expression einer Nukleinsäure, kodierend eine Ketolase, enthalten.

Zur Transformation einer Wirtspflanze mit einer für eine Ketolase kodierenden Nukleinsäure wird eine Expressionskassette als Insertion in einen rekombinanten Vektor eingebaut, dessen Vektor-DNA zusätzliche funktionelle Regulationssignale, beispielsweise Sequenzen für Replikation oder Integration enthält. Geeignete Vektoren sind unter anderem in "Methods in Plant Molecular Biology and Biotechnology" (CRC Press), Kap. 6/7, S. 71-119 (1993) beschrieben.

35 Unter Verwendung der oben zitierten Rekombinations- und Klonierungstechniken können die Expressionskassetten in geeignete Vektoren kloniert werden, die ihre Vermehrung, beispielsweise

weise in *E. coli* ermöglichen. Geeignete Klonierungsvektoren sind u.a. pJIT117 (Guerineau et al. (1988) Nucl. Acids Res. 16 :11380), pBR332, pUC-Serien, M13mp-Serien und pACYC184. Besonders geeignet sind binäre Vektoren, die sowohl in *E. coli* als auch in Agrobakterien replizieren können.

5

Im folgenden wird die Herstellung der erfindungsgemäßen genteilich veränderten Mikroorganismen näher beschrieben:

Die vorstehend beschriebenen Nukleinsäuren, kodierend eine Ketolase oder  $\beta$ -Hydroxylase oder  $\beta$ -Cyclase sind vorzugsweise in Expressionskonstrukte eingebaut, enthaltend unter der genetischen Kontrolle regulativer Nukleinsäuresequenzen eine für ein erfindungsgemäßes Enzym kodierende Nukleinsäuresequenz; sowie Vektoren, umfassend wenigstens eines dieser Expressionskonstrukte.

10 Vorzugsweise umfassen solche erfindungsgemäßen Konstrukte 5'-stromaufwärts von der jeweiligen kodierenden Sequenz einen Promotor und 3'-stromabwärts eine Terminatorsequenz sowie gegebenenfalls weitere übliche regulative Elemente, und zwar jeweils operativ verknüpft mit der kodierenden Sequenz. Unter einer "operativen Verknüpfung" versteht man die sequentielle Anordnung von Promotor, kodierender Sequenz, Terminator und gegebenenfalls weiterer regulativer Elemente derart, dass jedes der regulativen Elemente seine Funktion bei der Expression der kodierenden Sequenz bestimmungsgemäß erfüllen kann.

Beispiele für operativ verknüpfbare Sequenzen sind Targeting-Sequenzen sowie Translationsverstärker, Enhancer, Polyadenylierungssignale und dergleichen. Weitere regulative Elemente  
25 umfassen selektierbare Marker, Amplifikationssignale, Replikationsursprünge und dergleichen.

Zusätzlich zu den artifiziellen Regulationssequenzen kann die natürliche Regulationssequenz vor dem eigentlichen Strukturgen noch vorhanden sein. Durch genetische Veränderung kann diese natürliche Regulation gegebenenfalls ausgeschaltet und die Expression der Gene erhöht oder erniedrigt werden. Das Genkonstrukt kann aber auch einfacher aufgebaut sein, das heißt es werden keine zusätzlichen Regulationssignale vor das Strukturgen insertiert und der natürliche Promotor mit seiner Regulation wird nicht entfernt. Statt dessen wird die natürliche Regulationssequenz so mutiert, dass keine Regulation mehr erfolgt und die Genexpression gesteigert oder verringert wird. Die Nukleinsäuresequenzen können in einer oder mehreren Kopien im  
35 Genkonstrukt enthalten sein.

Beispiele für brauchbare Promotoren in Mikroorganismen sind: *cos*-, *tac*-, *trp*-, *tet*-, *trp-tet*-, *lpp*-, *lac*-, *lpp-lac*-, *lacIq*-, *T7*-, *T5*-, *T3*-, *gal*-, *trc*-, *ara*-, *SP6*-, *lambda-PR*- oder im *lambda-PL*-Promotor, die vorteilhafterweise in gram-negativen Bakterien Anwendung finden; sowie die

gram-positiven Promotoren amy und SPO2 oder die Hefepromotoren ADC1, MFA, AC, P-60, CYC1, GAPDH. Besonders bevorzugt ist die Verwendung induzierbarer Promotoren, wie z.B. licht- und insbesondere temperaturinduzierbarer Promotoren, wie der P<sub>PT</sub>-Promotor.

- 5 Prinzipiell können alle natürlichen Promotoren mit ihren Regulationssequenzen verwendet werden. Darüber hinaus können auch synthetische Promotoren vorteilhaft verwendet werden.

- Die genannten regulatorischen Sequenzen sollen die gezielte Expression der Nukleinsäuresequenzen und die Proteinexpression ermöglichen. Dies kann beispielsweise je nach Wirtsorganismus bedeuten, dass das Gen erst nach Induktion exprimiert oder überexprimiert wird, oder dass es sofort exprimiert und/oder überexprimiert wird.
- 10

- Die regulatorischen Sequenzen bzw. Faktoren können dabei vorzugsweise die Expression positiv beeinflussen und dadurch erhöhen oder erniedrigen. So kann eine Verstärkung der regulatorischen Elemente vorteilhafterweise auf der Transkriptionsebene erfolgen, indem starke Transkriptionssignale wie Promotoren und/oder "Enhancer" verwendet werden. Daneben ist aber auch eine Verstärkung der Translation möglich, indem beispielsweise die Stabilität der mRNA verbessert wird.
- 15

- Die Herstellung einer Expressionskassette erfolgt durch Fusion eines geeigneten Promotors mit den vorstehend beschriebenen Nukleinsäuresequenzen, kodierend eine Ketolase,  $\beta$ -Hydroxylase oder  $\beta$ -Cyclase sowie einem Terminator- oder Polyadenylierungssignal. Dazu verwendet man gängige Rekombinations- und Klonierungstechniken, wie sie beispielsweise in T. Maniatis, E.F. Fritsch und J. Sambrook, Molecular Cloning: A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, NY (1989) sowie in T.J. Silhavy, M.L. Berman und L.W. Enquist, Experiments with Gene Fusions, Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, NY (1984) und in Ausubel, F.M. et al., Current Protocols in Molecular Biology, Greene Publishing Assoc. and Wiley Interscience (1987) beschrieben sind.
- 20

- Das rekombinante Nukleinsäurekonstrukt bzw. Genkonstrukt wird zur Expression in einem geeigneten Wirtsorganismus vorteilhafterweise in einen wirtsspezifischen Vektor inseriert, der eine optimale Expression der Gene im Wirt ermöglicht. Vektoren sind dem Fachmann wohl bekannt und können beispielsweise aus "Cloning Vectors" (Pouwels P. H. et al., Hrsg, Elsevier, Amsterdam-New York-Oxford, 1985) entnommen werden. Unter Vektoren sind außer Plasmiden auch alle anderen dem Fachmann bekannte Vektoren, wie beispielsweise Phagen, Viren, wie SV40, CMV, Baculovirus und Adenovirus, Transposons, IS-Elemente, Phasmide, Cosmide, und lineare oder zirkuläre DNA zu verstehen. Diese Vektoren können autonom im Wirtsorganismus repliziert oder chromosomal repliziert werden.
- 30
- 35

Als Beispiele für geeignete Expressionsvektoren können genannt werden:

Übliche Fusionsexpressionsvektoren, wie pGEX (Pharmacia Biotech Inc; Smith, D.B. und Johnson, K.S. (1988) *Gene* 67:31-40), pMAL (New England Biolabs, Beverly, MA) und pRIT 5 (Pharmacia, Piscataway, NJ), bei denen Glutathion-S-Transferase (GST), Maltose E-bindendes Protein bzw. Protein A an das rekombinante Zielprotein fusioniert wird.

Nicht-Fusionsprotein-Expressionsvektoren wie pTrc (Amann et al., (1988) *Gene* 69:301-315) und pET 11d (Studier et al. *Gene Expression Technology: Methods in Enzymology* 185, Academic Press, San Diego, Kalifornien (1990) 60-89) oder pBluescript und pUC-Vektoren.

Hefe-Expressionsvektor zur Expression in der Hefe *S. cerevisiae*, wie pYapSec1 (Baldari et al., (1987) *Embo J.* 6:229-234), pMFa (Kurjan und Herskowitz (1982) *Cell* 30:933-943), pJRY88 (Schultz et al. (1987) *Gene* 54:113-123) sowie pYES2 (Invitrogen Corporation, San Diego, CA).

Vektoren und Verfahren zur Konstruktion von Vektoren, die sich zur Verwendung in anderen Pilzen, wie filamentösen Pilzen, eignen, umfassen diejenigen, die eingehend beschrieben sind in: van den Hondel, C.A.M.J.J. & Punt, P.J. (1991) "Gene transfer systems and vector development for filamentous fungi, in: *Applied Molecular Genetics of Fungi*, J.F. Peberdy et al., Hrsg., 1-28, Cambridge University Press: Cambridge.

Baculovirus-Vektoren, die zur Expression von Proteinen in gezüchteten Insektenzellen (bspw. Sf9-Zellen) verfügbar sind, umfassen die pAc-Reihe (Smith et al., (1983) *Mol. Cell Biol.* 3:2156-2165) und die pVL-Reihe (Lucklow und Summers (1989) *Virology* 170:31-39).

Weitere geeignete Expressionssysteme für prokaryontische und eukaryotische Zellen sind in Kapitel 16 und 17 von Sambrook, J., Fritsch, E.F. und Maniatis, T., *Molecular cloning: A Laboratory Manual*, 2. Auflage, Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, 1989 beschrieben.

Mit Hilfe der erfindungsgemäßen Expressionskonstrukte bzw. Vektoren sind genetisch veränderte Mikroorganismen herstellbar, welche beispielsweise mit wenigstens einem erfindungsgemäßen Vektor transformiert sind.

Vorteilhafterweise werden die oben beschriebenen erfindungsgemäßen rekombinanten Konstrukte in ein geeignetes Wirtssystem eingebracht und exprimiert. Dabei werden vorzugsweise dem Fachmann bekannte geläufige Klonierungs- und Transfektionsmethoden, wie beispielsweise Co-Präzipitation, Protoplastenfusion, Elektroporation, retrovirale Transfektion und dergleichen, verwendet, um die genannten Nukleinsäuren im jeweiligen Expressionssystem zur Ex-

pression zu bringen. Geeignete Systeme werden beispielsweise in Current Protocols in Molecular Biology, F. Ausubel et al., Hrsg., Wiley Interscience, New York 1997, beschrieben.

- Die Selektion erfolgreich transformierter Organismen kann durch Markergene erfolgen, die ebenfalls im Vektor oder in der Expressionskassette enthalten sind. Beispiele für solche Markergene sind Gene für Antibiotikaresistenz und für Enzyme, die eine farbgebende Reaktion katalysieren, die ein Anfärben der transformierten Zelle bewirkt. Diese können dann mittels automatischer Zellsortierung selektiert werden.
- 10 Erfolgreich mit einem Vektor transformierte Mikroorganismen, die ein entsprechendes Antibiotikaresistenzgen (z.B. G418 oder Hygromycin) tragen, lassen sich durch entsprechende Antibiotika-enhaltende Medien oder Nährböden selektieren. Markerproteine, die an der Zelloberfläche präsentiert werden, können zur Selektion mittels Affinitätschromatographie genutzt werden.
- 15 Die Kombination aus den Wirtsorganismen und den zu den Organismen passenden Vektoren, wie Plasmide, Viren oder Phagen, wie beispielsweise Plasmide mit dem RNA-Polymerase/Promoter-System, die Phagen  $\lambda$  oder andere temperente Phagen oder Transposons und/oder weiteren vorteilhaften regulatorischen Sequenzen bildet ein Expressionssystem.
- 20 Die Erfindung betrifft ferner ein Verfahren zur Herstellung von genetisch veränderten Organismen, dadurch gekennzeichnet, dass man ein Nukleinsäurekonstrukt, enthaltend funktionell verknüpft einen Promotor und Nukleinsäuren, kodierend eine Ketolase, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 42 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist, und gegebenenfalls einen Terminator in das Genom des Ausgangsorganismus oder extrachromosomal in den Ausgangsorganismus einführt.
- 25 Die Erfindung betrifft ferner die genetisch veränderten Organismen, wobei die genetische Veränderung die Aktivität einer Ketolase
- 30 A für den Fall, dass der Wildtyporganismus bereits eine Ketolase-Aktivität aufweist, gegenüber dem Wildtyp erhöht und
- 35 B für den Fall, dass der Wildtyporganismus keine Ketolase-Aktivität aufweist, gegenüber dem Wildtyp verursacht

und die nach A erhöhte oder nach B verursachte Ketolase-Aktivität durch eine Ketolase verursacht wird, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz

durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 42 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist.

- Wie vorstehend ausgeführt erfolgt die Erhöhung oder Verursachung der Ketolase-Aktivität gegenüber dem Wildtyp vorzugsweise durch eine Erhöhung oder Verursachung der Genexpression einer Nukleinsäure, kodierend eine Ketolase, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 42 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist.

10

- In einer weiter bevorzugten Ausführungsform erfolgt, wie vorstehend ausgeführt, die Erhöhung oder Verursachung der Genexpression einer Nukleinsäure, kodierend eine Ketolase, durch Einbringen von Nukleinsäuren, kodierend eine Ketolase, in die Pflanzen und damit vorzugsweise durch Überexpression oder transgene Expression von Nukleinsäuren, kodierend eine Ketolase, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 42 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist.

15

- Die Erfindung betrifft ferner einen genetisch veränderten Organismus, enthaltend mindestens eine transgene Nukleinsäure, kodierend eine Ketolase, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 42 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist. Dies ist der Fall, wenn der Ausgangsorganismus keine Ketolase oder eine endogen Ketolase aufweist und eine transgene Ketolase überexprimiert wird.

25

- Die Erfindung betrifft ferner einen genetisch veränderten Organismus, enthaltend mindestens zwei endogene Nukleinsäuren, kodierend eine Ketolase, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 42 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist. Dies ist der Fall, wenn der Ausgangsorganismus eine endogen Ketolase aufweist und die endogene Ketolase überexprimiert wird.

30

- Besonders bevorzugte, genetisch veränderte Organismen weisen, wie vorstehend erwähnt, zusätzlich eine erhöhte Hydroxylase-Aktivität und/oder  $\beta$ -Cyclase-Aktivität gegenüber einem Wildtyporganismus auf. Weiter bevorzugte Ausführungsformen sind vorstehend im erfindungsgemäßen Verfahren beschrieben.

35



Unter Organismen werden erfindungsgemäß vorzugsweise Organismen verstanden, die als Wildtyp- oder Ausgangsorganismen natürlicherweise oder durch genetische Komplementierung und/oder Umregulierung der Stoffwechselwege in der Lage sind, Carotinoide, insbesondere  $\beta$ -Carotin und/oder Zeaxanthin und/oder Neoxanthin und/oder Violaxanthin und/oder Lutein herzustellen.

Weiter bevorzugte Organismen weisen als Wildtyp- oder Ausgangsorganismen bereits eine Hydroxylase-Aktivität auf und sind somit als Wildtyp- oder Ausgangsorganismen in der Lage, Zeaxanthin herzustellen.

Bevorzugte Organismen sind Pflanzen oder Mikroorganismen, wie beispielsweise Bakterien, Hefen, Algen oder Pilze.

Als Bakterien können sowohl Bakterien verwendet werden, die aufgrund des Einbringens von Genen der Carotinoidbiosynthese eines Carotinoid-produzierenden Organismus in der Lage sind, Xanthophylle zu synthetisieren, wie beispielsweise Bakterien der Gattung *Escherichia*, die beispielsweise crt-Gene aus *Erwinia* enthalten, als auch Bakterien, die von sich aus in der Lage sind, Xanthophylle zu synthetisieren wie beispielsweise Bakterien der Gattung *Erwinia*, *Agrobacterium*, *Flavobacterium*, *Alcaligenes*, *Paracoccus*, *Nostoc* oder Cyanobakterien der Gattung *Synechocystis*.

Bevorzugte Bakterien sind *Escherichia coli*, *Erwinia herbicola*, *Erwinia uredovora*, *Agrobacterium aurantiacum*, *Alcaligenes* sp. PC-1, *Flavobacterium* sp. strain R1534, das Cyanobacterium *Synechocystis* sp. PCC6803, *Paracoccus marcusii* oder *Paracoccus carotinifaciens*.

Bevorzugte Hefen sind *Candida*, *Saccharomyces*, *Hansenula*, *Pichia* oder *Phaffia*. Besonders bevorzugte Hefen sind *Xanthophyllomyces dendrorhous* oder *Phaffia rhodozyma*.

Bevorzugte Pilze sind *Aspergillus*, *Trichoderma*, *Ashbya*, *Neurospora*, *Blakeslea*, *Phycomyces*, *Fusarium* oder weitere in Indian Chem. Engr. Section B. Vol. 37, No. 1, 2 (1995) auf Seite 15, Tabelle 6 beschriebene Pilze.

Bevorzugte Algen sind Grünalgen, wie beispielsweise Algen der Gattung *Haematococcus*, *Phaedactylum tricornutum*, *Volvox* oder *Dunaliella*. Besonders bevorzugte Algen sind *Haematococcus puvialis* oder *Dunaliella bardawil*.

Weitere brauchbare Mikroorganismen und deren Herstellung zur Durchführung des erfindungsgemäßen Verfahrens sind beispielsweise aus der DE-A-199 16 140 bekannt, worauf hiermit Bezug genommen wird.

Besonders bevorzugte Pflanzen sind Pflanzen ausgewählt aus den Familien Ranunculaceae, Berberidaceae, Papaveraceae, Cannabaceae, Rosaceae, Fabaceae, Linaceae, Vitaceae, Brassicaceae, Cucurbitaceae, Primulaceae, Caryophyllaceae, Amaranthaceae, Gentianaceae, Geraniaceae, Caprifoliaceae, Oleaceae, Tropaeolaceae, Solanaceae, Scrophulariaceae, Astera-  
 5 ceae, Liliaceae, Amaryllidaceae, Poaceae, Orchidaceae, Malvaceae, Iliaceae oder Lamiaceae.

Ganz besonders bevorzugte Pflanzen sind ausgewählt aus der Gruppe der Pflanzengattungen *Marigold*, *Tagetes erecta*, *Tagetes patula*, *Acacia*, *Aconitum*, *Adonis*, *Amica*, *Aquilegia*, *Aster*,  
 10 *Astragalus*, *Bignonia*, *Calendula*, *Caltha*, *Campanula*, *Canna*, *Centaurea*, *Cheiranthus*, *Chrysanthemum*, *Citrus*, *Crepis*, *Crocus*, *Curcubita*, *Cytisus*, *Delonia*, *Delphinium*, *Dianthus*, *Dimorphotheca*, *Doronicum*, *Eschscholtzia*, *Forsythia*, *Fremontia*, *Gazania*, *Gelsemium*, *Genista*, *Gentiana*, *Geranium*, *Gerbera*, *Geum*, *Grevillea*, *Helenium*, *Helianthus*, *Hepatica*, *Heracleum*, *Hibiscus*, *Heliopsis*, *Hypericum*, *Hypochoeris*, *Impatiens*, *Iris*, *Jacaranda*, *Kerria*, *Laburnum*,  
 15 *Lathyrus*, *Leontodon*, *Lilium*, *Linum*, *Lotus*, *Lycopersicon*, *Lysimachia*, *Marattia*, *Medicago*, *Mimulus*, *Narcissus*, *Oenothera*, *Osmanthus*, *Petunia*, *Photinia*, *Physalis*, *Phyteuma*, *Potentilla*, *Pyracantha*, *Ranunculus*, *Rhododendron*, *Rosa*, *Rudbeckia*, *Senecio*, *Silene*, *Silphium*, *Sinapsis*, *Sorbus*, *Spartium*, *Tecoma*, *Torenia*, *Tragopogon*, *Trollius*, *Tropaeolum*, *Tulipa*, *Tussilago*, *Ulex*, *Viola* oder *Zinnia*, besonders bevorzugt ausgewählt aus der Gruppe der Pflanzengattungen *Marigold*, *Tagetes erecta*, *Tagetes patula*, *Lycopersicon*, *Rosa*, *Calendula*, *Physalis*, *Medicago*,  
 20 *Helianthus*, *Chrysanthemum*, *Aster*, *Tulipa*, *Narcissus*, *Petunia*, *Geranium*, *Tropaeolum* oder *Adonis*.

Ganz besonders bevorzugte genetisch veränderte Pflanzen sind ausgewählt aus den Pflanzengattungen *Marigold*, *Tagetes erecta*, *Tagetes patula*, *Adonis*, *Lycopersicon*, *Rosa*, *Calendula*, *Physalis*, *Medicago*, *Helianthus*, *Chrysanthemum*, *Aster*, *Tulipa*, *Narcissus*, *Petunia*, *Geranium* oder *Tropaeolum*, wobei die genetisch veränderte Pflanze mindestens eine transgene Nukleinsäure, kodierend eine Ketolase, enthält.

30 Die transgenen Pflanzen, deren Vermehrungsgut, sowie deren Pflanzenzellen, -gewebe oder -teile, insbesondere deren Früchte, Samen, Blüten und Blütenblätter sind ein weiterer Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die genetisch veränderten Pflanzen können, wie vorstehend beschrieben, zur Herstellung von  
 35 Ketocarotinoiden, insbesondere Astaxanthin verwendet werden.

Von Menschen und Tieren verzehrbare erfindungsgemäße, genetisch veränderte Organismen, insbesondere Pflanzen oder Pflanzenteile, wie insbesondere Blütenblätter mit erhöhtem Gehalt an Ketocarotinoiden, insbesondere Astaxanthin können auch beispielsweise direkt oder nach

an sich bekannter Prozessierung als Nahrungsmittel oder Futtermittel oder als Futter- und Nahrungsergänzungsmittel verwendet werden.

- 5 Ferner können die genetisch veränderten Organismen zur Herstellung von Ketocarotinoidhaltigen Extrakten der Organismen und/oder zur Herstellung von Futter- und Nahrungsergänzungsmitteln verwendet werden.

Die genetisch veränderten Organismen weisen im Vergleich zum Wildtyp einen erhöhten Gehalt an Ketocarotinoiden auf.

10 Unter einem erhöhten Gehalt an Ketocarotinoiden wird in der Regel ein erhöhter Gehalt an Gesamt-Ketocarotinoid verstanden.

- 15 Unter einem erhöhten Gehalt an Ketocarotinoiden wird aber auch insbesondere ein veränderter Gehalt der bevorzugten Ketocarotinoide verstanden, ohne dass zwangsläufig der Gesamt-Carotinoidgehalt erhöht sein muss.

In einer besonders bevorzugten Ausführungsform weisen die erfindungsgemäßen, genetisch veränderten Pflanzen im Vergleich zum Wildtyp einen erhöhten Gehalt an Astaxanthin auf.

20 Unter einem erhöhten Gehalt wird in diesem Fall auch ein verursachter Gehalt an Ketocarotinoiden, bzw. Astaxanthin verstanden.

Die Erfindung betrifft ferner die neuen Ketolasen sowie die neuen Nukleinsäuren, die diese kodieren.

Insbesondere betrifft die Erfindung Ketolasen, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 70 %, vorzugsweise mindestens 75%,  
30 besonders bevorzugt mindestens 80%, bevorzugter mindestens 85%, bevorzugter mindestens 90%, bevorzugter mindestens 95% auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist, mit der Maßgabe, dass die Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 2 nicht enthalten ist. Die Sequenz SEQ ID NO: 2 ist, wie vorstehend erwähnt, als putatives Protein in Datenbanken annotiert.

35 Ferner betrifft die Erfindung Ketolasen, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 4 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 70 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz

SEQ. ID. NO. 4 aufweist. Die Sequenz SEQ ID NO: 4 ist, wie vorstehend erwähnt, in Datenbanken nicht annotiert.

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäuren, kodierend ein vorstehend beschriebenes Protein, mit der Maßgabe, dass die Nukleinsäure nicht die Sequenzen SEQ ID NO: 1 oder 3 enthält.

Überraschenderweise wurde gefunden, dass ein Protein enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 70 %, vorzugsweise mindestens 75%, besonders bevorzugt mindestens 80%, bevorzugter mindestens 85%, bevorzugter mindestens 90%, bevorzugter mindestens 95% auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 und die Eigenschaft einer Ketolase aufweist, eine Eigenschaft als Ketolase aufweist.

Die Erfindung betrifft daher auch die Verwendung eines Proteins, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 70 %, vorzugsweise mindestens 75%, besonders bevorzugt mindestens 80%, bevorzugter mindestens 85%, bevorzugter mindestens 90%, bevorzugter mindestens 95% auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 und die Eigenschaft einer Ketolase aufweist, als Ketolase.

Ferner wurde überraschenderweise gefunden, dass ein Protein enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 4 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 65%, vorzugsweise mindestens 70 %, vorzugsweise mindestens 75%, besonders bevorzugt mindestens 80%, bevorzugter mindestens 85%, bevorzugter mindestens 90%, bevorzugter mindestens 95% auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 4 und die Eigenschaft einer Ketolase aufweist, eine Eigenschaft als Ketolase aufweist.

Die Erfindung betrifft daher auch die Verwendung eines Proteins, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 4 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 65%, vorzugsweise mindestens 70 %, vorzugsweise mindestens 75%, besonders bevorzugt mindestens 80%, bevorzugter mindestens 85%, bevorzugter mindestens 90%, bevorzugter mindestens 95% auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 4 und die Eigenschaft einer Ketolase aufweist, als Ketolase.

Im Vergleich zu den Verfahren des Standes der Technik, liefert das erfindungsgemäße Verfahren eine höhere Menge an Ketocarotinoiden, insbesondere Astaxanthin.

Die Erfindung wird durch die nun folgenden Beispiele erläutert, ist aber nicht auf diese beschränkt:

Beispiel 1:

- 5 Amplifikation von cDNA, die die gesamte Primärsequenz der Ketolasen aus *Nostoc punctiforme* PCC73102 ORF 38, contig 501 (SEQ ID NO: 1) und ORF 148, contig 502 (SEQ ID NO: 3) kodiert

- 10 Zellen von *Nostoc punctiforme* wurden mit Lysozym (2 mg/ml) aufgeschlossen und die genomische DNA mit Hilfe des GenElute Plant genomic DNA kit (Sigma) nach Angaben des Herstellers isoliert.

- Dann erfolgte die Amplifikation von ORF148 (762 bp) aus der genomischen DNA von *Nostoc punctiforme* mit Hilfe der Primer 148-Start (SEQ ID NO: 9; 5' ATG ATC CAG TTA GAA CAA CCA C -3') und 148-End (SEQ ID NO: 10; 5' CTA TTT TGC TTT GTA AAT TTC TGG -3') bei einer Annealingtemperatur von 60°C über 30 Zyklen.

- Zur Amplifizierung von ORF38 (789 bp) wurden die Primer 38-Start (SEQ ID NO: 11; 5' ATG AAT TTT TGT GAT AAA CCA GTT AG -3') und 38-End (SEQ ID NO: 12; 5' ACG AAT TGG TTA CTG AAT TGT TG -3') verwendet.

- 20 Die PCR Fragmente wurden in den mit *XcmI* geschnittenen Vektor pMON 38201 (Borokov, A.Y. and Rivkin, M.I. (1997) *XcmI* containing vector for direct cloning of PCR products. BioTech. 22, 812-814) subkloniert.

- 25 Zur Selektion positiver Klone wurde nach der Transformation der Ligationsprodukte in *XI1 blue* MRF1<sup>+</sup> ein blau-weiß screening durchgeführt. Die isolierte Plasmid-DNA wurde mit *HindIII* geschnitten, um zu überprüfen ob das PCR Amplifikat in den T-Überhangvektor kloniert wurde. Die Sequenzierung der ausgewählten Klone zeigte, dass die Orientierung von ORF148 in pMONT-148, bzw. ORF38 in pMONT-38, entgegen der vektoriiellen Leserichtung ist. Das Herausschneiden des Inserts durch *HindIII* war möglich, da der T-Überhang Vektor neben der *HindIII* Schnittstelle im Polylinker noch eine zweite besitzt, die beim Einfügen des Polylinkers entstanden ist.

Beispiel 2

- 35 Herstellung von Expressionsvektoren zur Expression der *Nostoc punctiforme* PCC73102 Ketolasen ORF148 und ORF38 in Wirtsorganismen.

Nach Restriktionsverdau von pMONT148 bzw. pMONT38 mit *HindIII* wurden die erhaltenen DNA-Inserts in einen ebenfalls *HindIII* verdauten und dephosphorylierten pPQE32 Vektor (Qia-

gen, Hilden; modifiziert wie in (Verdoes, J., Krubasik, P., Sandmann, G. & van Ooyen, M. (1999) Isolation and functional characterisation of a novel type of carotenoid biosynthetic gene from *Xanthophyllomyces dendrorhous*. *Molec. Gen. Genet.* 262, 453-461) beschrieben kloniert.

- 5 Die nach Transformation in XL1MRF1' erhaltenen Klone wurden mit Hilfe einer check PCR unter Verwendung von Primer QEF (5' CCC TTT CCT CTT CTC -3') und 148-end bzw. 38-end überprüft. Die Sequenzierungen der entsprechenden Klone zeigte, dass ORF148 und ORF38 in frame in den pPQE32 Vektor kloniert wurden. Die so erhaltenen Plasmide sind in Abbildung 2B und 2C dargestellt. Abbildung 2 zeigt die Konstruktion von pPQE32-ORF 148 (B.) und pPQE32-ORF 38 (C.) ausgehend von pPQE32 (A.).

### Beispiel 3

Expression der *Nostoc punctiforme* PCC73102 Ketolasen ORF148 und ORF38 in  $\beta$ -Carotin und Zeaxanthin produzierenden *E. coli* Stämme und Analyse des Carotinoidprofils

15

3.1. Expression der *Nostoc punctiforme* PCC73102 Ketolasen ORF148 und ORF38 in  $\beta$ -Carotin produzierenden *E. coli* Stämme

- Zur funktionellen Charakterisierung der durch ORF148 und ORF38 gebildeten Genprodukte wurden die Konstrukte pPQE32-148 und pPQE32-38 in die  $\beta$ -Carotin bildende *E. coli* Transformante JM101/pACCAR16 $\Delta$ crX (Misawa, N., Satomi, Y., Kondo, K., Yokoyama, A., Kajiwara, S., Saito, T., Ohtani, T. & Milki, W. (1995) Structure and functional analysis of a marine bacterial carotenoid biosynthesis gene cluster and astaxanthin biosynthetic pathway proposed at the gene level. *J. Bacteriol.* 22, 6575-6584) transformiert.

25

- Die Anzucht der Transformanten erfolgte in 50 ml Kulturen mit LB Medium bei 28°C im Dunkeln für 16 bis 48 Stunden. Die Carotinoide wurden mit Methanol extrahiert, gegen 50% Ether/Petrolether ausgeschüttelt und die erhaltenen Extrakte über HPLC (Säule HypurityC18, Laufmittel: Acetonitril/Methanol/2-Propanol 85:10:5, Temperatur 32°C) aufgetrennt. Die Spektren wurden mittels eines Dioden-Array Detektors on-line aufgezeichnet und die Carotinoide anhand ihrer Absorptionsmaxima sowie im Vergleich mit Standards identifiziert.

- Wie in Abbildung 3A für pPQE32-38 und 3B für pPQE32-148 gezeigt, konnten neben dem Ausgangssubstrat  $\beta$ -Carotin in beiden Extrakten die Ketocarotinoide Echinon und Canthaxanthin detektiert werden (in Kontrollen ohne pPQE32-38 bzw. pPQE32-148 war nur  $\beta$ -Carotin aber keine Ketocarotinoide zu finden).

- Der Anteil des gebildeten Canthaxanthins (Diketo-Verbindung) am Gesamtcarotinoidgehalt betrug in der Komplementierung mit pPQE32-148 81%, in der Komplementierung mit pPQE32-38

lag er bei 40%. Der Anteil an Echinenon (Monoketo-Verbindung) lag in beiden Komplementierungen bei etwa 4%.

### 3.2. Expression der *Nostoc punctiforme* PCC73102 Ketolasen ORF148 und ORF38 in Zeaxanthin produzierenden *E. coli* Stämme

Um zu untersuchen in wie weit die durch ORF148 und ORF38 kodierten Ketolasen in der Lage sind das Ketocarotinoid Astaxanthin zu synthetisieren, wurden pQE32-38 (Abb. 3C) und pQE32-148 (Abb. 3D) in die Zeaxanthin bildende *E. coli* Transformante JM101/pACCAR25 $\Delta$ ctX (Misawa, N., Satomi, Y., Kondo, K., Yokoyama, A., Kajiwar, S., Saito, T., Ohtani, T. & Miki, W. (1995) Structure and functional analysis of a marine bacterial carotenoid biosynthesis gene cluster and astaxanthin biosynthetic pathway proposed at the gene level. J. Bacteriol. 22, 6575-6584) transformiert.

Die Anzucht der Transformanten, die Carotinoidextraktion und die HPLC Trennung erfolgte wie oben unter 3.1 beschrieben. Während in dem aus der Komplementierung mit pQE32-38 erhaltenen Extrakt nur die Ausgangssubstrate Zeaxanthin und  $\beta$ -Carotin, 85 bzw. 5% des Gesamtcarotinoidgehalts, nachgewiesen werden konnten, konnten in der Komplementierung mit pQE32-148 hauptsächlich die Ketocarotinoide Echinenon, Canthaxanthin und Astaxanthin detektiert werden. Der Anteil von Astaxanthin am Gesamtcarotinoidgehalt beträgt 50%. Die Intermediate der Astaxanthinsynthese Echinenon und Canthaxanthin stellen 12% bzw. 8% des Gesamtcarotinoids dar. Der Anteil an  $\beta$ -Carotin beträgt etwa 30%.

Abbildung 3 zeigt die HPLC Trennung der Carotinoide aus Komplementierung in *E. coli* mit einem  $\beta$ -Carotin Hintergrund kotransformiert mit pQE32-38 (A) oder pQE32-148 (B) bzw. in *E. coli* mit einem Zeaxanthin Hintergrund kotransformiert mit pQE32-38 (C) oder pQE32-148 (D).

Die angegebenen Carotinoide wurden durch Kochchromatographie mit Vergleichssubstanzen und über ihre Spektren identifiziert als:

- 1 Canthaxanthin,
- 2 Echinenon,
- 3  $\beta$ -Carotin,
- 4 Zeaxanthin,
- 5 Astaxanthin,
- 6  $\beta$ -Cryptoxanthin,
- 7 Neurosporin.

1', 3', 4' und 5' bezeichnen die entsprechenden cis Isomere.

## Patentansprüche

1. Verfahren zur Herstellung von Ketocarotinoiden durch Kultivierung von genetisch veränderten Organismen, die im Vergleich zum Wildtyp eine veränderte Ketolase-Aktivität aufweisen, und die veränderte Ketolase-Aktivität durch eine Ketolase verursacht wird, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 42 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist.
2. Verfahren nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, dass man Organismen verwendet, die als Wildtyp bereits eine Ketolase-Aktivität aufweisen, und die genetische Veränderung eine Erhöhung der Ketolase-Aktivität im Vergleich zum Wildtyp bewirkt.
3. Verfahren nach Anspruch 2, dadurch gekennzeichnet, dass man zur Erhöhung der Ketolase-Aktivität die Genexpression einer Nukleinsäure, kodierend eine Ketolase, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 42 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist, gegenüber dem Wildtyp erhöht.
4. Verfahren nach Anspruch 3, dadurch gekennzeichnet, dass man zur Erhöhung der Genexpression Nukleinsäuren in den Organismus einbringt, die Ketolasen kodieren, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 42 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist.
5. Verfahren nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, dass man Organismen verwendet, die als Wildtyp keine Ketolase-Aktivität aufweisen und die genetische Veränderung eine Ketolase-Aktivität im Vergleich zum Wildtyp verursacht.
6. Verfahren nach Anspruch 5, dadurch gekennzeichnet, dass man genetisch veränderte Organismen verwendet, die transgen eine Ketolase, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 42 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist, exprimieren.
7. Verfahren nach Anspruch 5 oder 6, dadurch gekennzeichnet, dass man zur Verursachung der Genexpression Nukleinsäuren in die Organismen einbringt, die Ketolasen kodieren,



enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 42 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist.

- 5 8. Verfahren nach Anspruch 5 oder 7, dadurch gekennzeichnet, dass man Nukleinsäuren, enthaltend die Sequenz SEQ. ID. NO. 1 einbringt.
9. Verfahren nach einem der Ansprüche 1 bis 8, dadurch gekennzeichnet, dass die Organismen zusätzlich gegenüber dem Wildtyp eine erhöhte Aktivität mindestens einer der Aktivitäten, ausgewählt aus der Gruppe Hydroxylase-Aktivität und  $\beta$ -Cyclase-Aktivität, aufweisen.
- 10 10. Verfahren nach Anspruch 9, dadurch gekennzeichnet, dass man zur zusätzlichen Erhöhung mindestens einer der Aktivitäten, die Genexpression mindestens einer Nukleinsäure ausgewählt aus der Gruppe Nukleinsäuren, kodierend eine Hydroxylase, und Nukleinsäuren, kodierend eine  $\beta$ -Cyclase, gegenüber dem Wildtyp erhöht.
- 15 11. Verfahren nach Anspruch 10, dadurch gekennzeichnet, dass man zur Erhöhung der Genexpression mindestens eine Nukleinsäure ausgewählt aus der Gruppe, Nukleinsäuren kodierend eine Hydroxylase und Nukleinsäuren kodierend eine  $\beta$ -Cyclase in den Organismus einbringt.
- 20 12. Verfahren nach Anspruch 11, dadurch gekennzeichnet, dass man als Nukleinsäure, kodierend eine Hydroxylase, Nukleinsäuren einbringt, die eine Hydroxylase kodieren, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 6 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 20 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ ID NO: 6 aufweist.
- 25 13. Verfahren nach Anspruch 12, dadurch gekennzeichnet, dass man Nukleinsäuren, enthaltend die Sequenz SEQ ID NO: 5 einbringt.
- 30 14. Verfahren nach Anspruch 11, dadurch gekennzeichnet, dass man als Nukleinsäure, kodierend eine  $\beta$ -Cyclase, Nukleinsäuren einbringt, die eine  $\beta$ -Cyclase kodieren, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 8 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 20 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ ID NO: 8 aufweist.
- 35 15. Verfahren nach Anspruch 14, dadurch gekennzeichnet, dass man Nukleinsäuren, enthaltend die Sequenz SEQ ID NO: 7 einbringt.

16. Verfahren nach einem der Ansprüche 1 bis 15, dadurch gekennzeichnet, dass man nach dem Kultivieren die genetisch veränderten Organismen erntet und anschließend die Keto-carotinoide aus den Organismen isoliert.
- 5 17. Verfahren nach einem der Ansprüche 1 bis 16, dadurch gekennzeichnet daß man als Organismus einen Organismus verwendet, der als Ausgangsorganismus natürlicherweise oder durch genetische Komplementierung oder Umregulierung von Stoffwechselwegen in der Lage ist, Carotinoide herzustellen.
- 10 18. Verfahren nach einem der Ansprüche 1 bis 17, dadurch gekennzeichnet, daß man als Organismen Mikroorganismen oder Pflanzen verwendet.
19. Verfahren nach Anspruch 18, dadurch gekennzeichnet, daß man als Mikroorganismen Bakterien, Hefen, Algen oder Pilze verwendet.
- 15 20. Verfahren nach Anspruch 19, dadurch gekennzeichnet, daß die Mikroorganismen ausgewählt sind aus der Gruppe *Escherichia*, *Erwinia*, *Agrobacterium*, *Flavobacterium*, *Alcaligenes*, *Paracoccus*, *Nostoc*, Cyanobakterien der Gattung *Synechocystis*, *Candida*, *Saccharomyces*, *Hansenula*, *Phaffia*, *Pichia*, *Aspergillus*, *Trichoderma*, *Ashbya*, *Neurospora*, *Blakeslea*, *Phycomyces*, *Fusarium*, *Hamatococcus*, *Phaedactylum tricornatum*, *Volvox* oder *Dunaliella*.
- 20 21. Verfahren nach Anspruch 18, dadurch gekennzeichnet, daß man als Organismus Pflanzen verwendet.
- 25 22. Verfahren nach Anspruch 21, dadurch gekennzeichnet, dass man als Pflanze eine Pflanze, ausgewählt aus den Familien Ranunculaceae, Berberidaceae, Papaveraceae, Cannabaceae, Rosaceae, Fabaceae, Linaceae, Vitaceae, Brassicaceae, Cucurbitaceae, Primulaceae, Caryophyllaceae, Amaranthaceae, Gentianaceae, Geraniaceae, Caprifoliaceae, Oleaceae, Tropaeolaceae, Solanaceae, Scrophulariaceae, Asteraceae, Liliaceae, Amaryllidaceae, Poaceae, Orchidaceae, Malvaceae, Iliaceae oder Lamiaceae verwendet.
- 30 23. Verfahren nach Anspruch 22, dadurch gekennzeichnet, dass man als Pflanze eine Pflanze, ausgewählt aus den Pflanzengattungen Marigold, *Tagetes erecta*, *Tagetes patula*, *Acacia*, *Aconitum*, *Adonis*, *Amica*, *Aquilegia*, *Aster*, *Astragalus*, *Bignonia*, *Calendula*, *Caltha*, *Campanula*, *Canna*, *Centaurea*, *Cheiranthus*, *Chrysanthemum*, *Citrus*, *Crepis*, *Crocus*, *Curcubita*, *Cytisus*, *Delonia*, *Delphinium*, *Dianthus*, *Dimorphotheca*, *Doronicum*, *Eschscholtzia*, *Forsythia*, *Fremontia*, *Gazania*, *Gelsemium*, *Genista*, *Gentiana*, *Geranium*, *Gerbera*, *Geum*, *Grevillea*, *Helenium*, *Helianthus*, *Hepatica*, *Heracleum*, *Hibiscus*, *Heliopsis*, *Hypericum*, *Hypochoeris*, *Impatiens*, *Iris*, *Jacaranda*, *Kerria*, *Laburnum*, *Lathyrus*, *Leontodon*, *Lilium*, *Li-*

num, Lotus, Lycopersicon, Lysimachia, Marattia, Medicago, Mimulus, Narcissus, Oenothera, Osmanthus, Petunia, Photinia, Physalis, Phyteuma, Potentilla, Pyracantha, Ranunculus, Rhododendron, Rosa, Rudbeckia, Senecio, Silene, Silphium, Sinapsis, Sorbus, Spartium, Tecoma, Torenia, Tragopogon, Trollius, Tropaeolum, Tulipa, Tussilago, Ulex, Viola oder Zinnia verwendet.

5

24. Verfahren nach einem der Ansprüche 1 bis 23, dadurch gekennzeichnet, dass die Ketocarotinoide ausgewählt sind aus der Gruppe Astaxanthin, Canthaxanthin, Echinenon, 3-Hydroxyechinenon, 3'-Hydroxyechinenon, Adonirubin und Adonixanthin.

10

25. Genetisch veränderter Organismus, wobei die genetische Veränderung die Aktivität einer Ketolase

15

A für den Fall, dass der Wildtyporganismus bereits eine Ketolase-Aktivität aufweist, gegenüber dem Wildtyp erhöht und

B für den Fall, dass der Wildtyporganismus keine Ketolase-Aktivität aufweist, gegenüber dem Wildtyp verursacht

20

und die nach A erhöhte oder nach B verursachte Ketolase-Aktivität durch eine Ketolase verursacht wird, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 42 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist.

25

26. Genetisch veränderter Organismus nach Anspruch 25, dadurch gekennzeichnet, dass die Erhöhung oder Verursachung der Ketolase-Aktivität durch eine Erhöhung oder Verursachung der Genexpression einer Nukleinsäure, kodierend eine Ketolase, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 42 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist, gegenüber dem Wildtyp bewirkt wird.

30

27. Genetisch veränderter Organismus nach Anspruch 26, dadurch gekennzeichnet, dass man zur Erhöhung oder Verursachung der Genexpression Nukleinsäuren in den Organismus einbringt, die Ketolasen kodieren, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 42 % auf Aminosäureebene mit der

35

Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist.

28. Genetisch veränderter Organismus, enthaltend mindestens eine transgene Nukleinsäure, kodierend eine Ketolase, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 42 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist.
29. Genetisch veränderter Organismus, enthaltend mindestens zwei endogene Nukleinsäuren, kodierend eine Ketolase, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 42 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist.
30. Genetisch veränderter Organismus nach einem der Ansprüche 25 bis 29, dadurch gekennzeichnet, dass die genetische Veränderung zusätzlich mindestens eine der Aktivitäten, ausgewählt aus der Gruppe Hydroxylase-Aktivität und  $\beta$ -Cyclase-Aktivität gegenüber dem Wildtyp erhöht.
31. Genetisch veränderter Organismus nach einem der Ansprüche 25 bis 30, dadurch gekennzeichnet, dass er als Ausgangsorganismus natürlicherweise oder durch genetische Komplementierung in der Lage ist, Carotinole herzustellen.
32. Genetisch veränderter Organismus nach einem der Ansprüche 25 bis 31, ausgewählt aus der Gruppe Mikroorganismen oder Pflanzen.
33. Genetisch veränderter Mikroorganismus nach Anspruch 32, dadurch gekennzeichnet, daß die Mikroorganismen ausgewählt sind aus der Gruppe Bakterien, Hefen, Algen oder Pilze.
34. Genetisch veränderter Mikroorganismus nach Anspruch 33, dadurch gekennzeichnet, daß die Mikroorganismen ausgewählt sind aus der Gruppe *Escherichia*, *Erwinia*, *Agrobacterium*, *Flavobacterium*, *Alcaligenes*, *Paracoccus*, *Nostoc*, Cyanobakterien der Gattung *Synechocystis*, *Candida*, *Saccharomyces*, *Hansenula*, *Pichia*, *Aspergillus*, *Trichoderma*, *Ashbya*, *Neurospora*, *Blakeslea*, *Phycomyces*, *Fusarium*, *Haematococcus*, *Phaedactylum tricornutum*, *Volvox* oder *Dunaliella*.
35. Genetisch veränderte Pflanze nach Anspruch 32, dadurch gekennzeichnet, dass die Pflanzen ausgewählt sind aus den Familien Ranunculaceae, Berberidaceae, Papaveraceae, Cannabaceae, Rosaceae, Fabaceae, Linaceae, Vitaceae, Brassiceae, Cucurbitaceae, Pri-

mulaceae, Caryophyllaceae, Amaranthaceae, Gentianaceae, Geraniaceae, Caprifoliaceae, Oleaceae, Tropaeolaceae, Solanaceae, Scrophulariaceae, Asteraceae, Liliaceae, Amaryllidaceae, Poaceae, Orchidaceae, Malvaceae, Iliaceae oder Lamiaceae verwendet.

- 5 36. Genetisch veränderte Pflanze nach Anspruch 35, dadurch gekennzeichnet, dass Pflanzen ausgewählt sind aus den Pflanzengattungen Marigold, *Tagetes erecta*, *Tagetes patula*, *Acacia*, *Aconitum*, *Adonis*, *Arnica*, *Aquilegia*, *Aster*, *Astragalus*, *Bignonia*, *Calendula*, *Caltha*, *Campanula*, *Canna*, *Centaurea*, *Cheilanthes*, *Chrysanthemum*, *Citrus*, *Crepis*, *Crocus*, *Curcubita*, *Cytisus*, *Delonia*, *Delphinium*, *Dianthus*, *Dirorophthea*, *Doronicum*, *Eschscholtzia*, *Forsythia*, *Fremontia*, *Gazania*, *Gelsemium*, *Genista*, *Gentiana*, *Geranium*, *Gerbera*, *Geum*, *Grevillea*, *Helenium*, *Helianthus*, *Hepatica*, *Heracleum*, *Hibiscus*, *Heliopsis*, *Hypericum*, *Hypochoeris*, *Impatiens*, *Iris*, *Jacaranda*, *Kerria*, *Laburnum*, *Lathyrus*, *Leontodon*, *Lilium*, *Linum*, *Lotus*, *Lycopersicon*, *Lysimachia*, *Marattia*, *Medicago*, *Mimulus*, *Narcissus*, *Oenothera*, *Osmanthus*, *Petunia*, *Photinia*, *Physalis*, *Phyteuma*, *Potentilla*, *Pyracantha*,  
10 *Ranunculus*, *Rhododendron*, *Rosa*, *Rudbeckia*, *Senecio*, *Silene*, *Silphium*, *Sinapsis*, *Sorbus*, *Spartium*, *Tecoma*, *Torenia*, *Tragopogon*, *Trollius*, *Tropaeolum*, *Tulipa*, *Tussilago*, *Ulex*, *Viola* oder *Zinnia* verwendet.
37. Verwendung der genetisch veränderten Organismen nach einem der Ansprüche 25 bis 36  
20 als Futter- oder Nahrungsmittel.
38. Verwendung der genetisch veränderten Organismen nach einem der Ansprüche 25 bis 36 zur Herstellung von Ketocarotinoid-haltigen Extrakten oder zur Herstellung von Futter- und Nahrungsergänzungsmitteln.
- 25 39. Ketolase, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 70 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist, mit der Maßgabe, dass die Aminosäuresequenzen SEQ ID NO. 2 nicht enthalten ist.  
30
40. Ketolase, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 4 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 70 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 4 aufweist.  
35
41. Nukleinsäure, kodierend ein Protein gemäß 39 oder 40, mit der Maßgabe, dass die Sequenz SEQ ID NO: 1 und SEQ ID NO: 3 nicht enthalten sind.

42. Verwendung eines Proteins, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 70 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 und die Eigenschaft einer Ketolase aufweist, als Ketolase.

5

43. Verwendung eines Proteins, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 4 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 65 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 4 und die Eigenschaft einer Ketolase aufweist, als Ketolase.

10

## Abbildung 1

## Nucleotidsequenz ORF 38 (786 bp)

TTGAATTTTGTGATAAAACAGTTAGCTATTATGTTGCAATAGAGCAATTAAGTGCTAAA-  
5 GAAGATACTGTTTGGGGGCTGGTGATTGTCATAGTAATTATTAGTCTTTGGGTAGC-  
TAGTTTGGCTTTTTACTAGCTAATAATTATGCCAAAGTCCCAATTTGGTTGATACCTATTG-  
CAATAGTTTGGCAAAATGTTCCCTTTATACAGGGCTATTTATTACTGCACATGATGCTATG-  
CATGGGTCAGTTTATCGTAAAAATCCCAAAATTAATAATTTATCGGTTCACTAGCTG-  
TAGCGCTTTACGCTGTGTTTCCATATCAACAGATGTTAAACAATCAATTGCTTACAT-  
10 CATCGTCATCCTGCTAGCGAAGTTGACCCAGATTTTCATGATGGTAAGAGAACAACGCG-  
TATTTTCTGGTATCTCCATTTTCATGATAGAATACTCCAGTTGGCAACAGTTAATAGTAC-  
TAACTATCCTATTATAATTTAGCTAAATACGTTTTCACATCCATCAAATAAATCTCATCT-  
TATTTTGGAGTATTCCTCCAATTTTAAGTTCCATTCAACTGTTTTATTTCGGAA-  
CATTTTGCCTCATCGAAGACCAAGAAAGGATATGTTTATCCCAATTCAGCCAAACAA-  
15 TAAAATTGCCAACTTTTTTGTCAATTATCGCTTGCTACCACCTTGGTTATCATGAAGAACAT-  
CATGAGTATCCCATGTACCTTGGTGGCAACTTCCATCTGTATATAAGCAGAGAGTATT-  
CAACAATTCAGTAACCAATTCGTAA

## 20 Nukleotidsequenz ORF 148 (759 bp)

GTGATCCAGTTAGAACCACTCAGTCATCAAGCAAACTGACTCCAGTACTGAGAAGTA  
AATCTCAGTTTAAAGGGGCTTTTCATTGCTATTGTCAATTGTTAGCGCATGGGTCTTAGCCTG  
AGTTTATTACTTTCCCTTGACATCTCAAAGCTAAAAATTTGGATGTTATTGCCTGTTATACTA  
TGGCAAACATTTTTATATACGGGATTATTATTACATCTCATGATGCCATGCATGGCGTAG-  
25 TATTTCCCAAAACACCAAGATTAATCATTTGATTGGAACATTGACCTATCCCTT-  
TATGGTCTTTTACCATATCAAAAACATTGAAAAACATTGGTTACACCACCAATCCAG-  
CAAGCTCAATAGACCCGGATTTTACAATGGTAAACACCAAGTTTCTTTGCTTGG-  
TATTTTCATTTTATGAAAGTTTACTGGAGTTGGGGGCAAAATAATTGCGTTGACTATTATT-  
TATAACTTTGCTAAATACATACTCCATATCCCAAGTGATAATCTAACTTACTTTTGGGTGC-  
30 TACCCTCGCTTTTAAAGTTCATTACAATTATTCTATTTTGGTACTTTTACCCTCATAGT-  
GAACCAATAGGGGGTTATGTTGAGCCTCATTGTGCCCAAAATTAAGCCGTCC-  
TATTTGGTGGTCATTATCAGTGCTATCATTTTGGCTACCACGAGGAACATCACGAA-  
TATCCTCATATTTCTTGGTGGCAGTTACCGAAAAATTAACAAGCAAAATAG

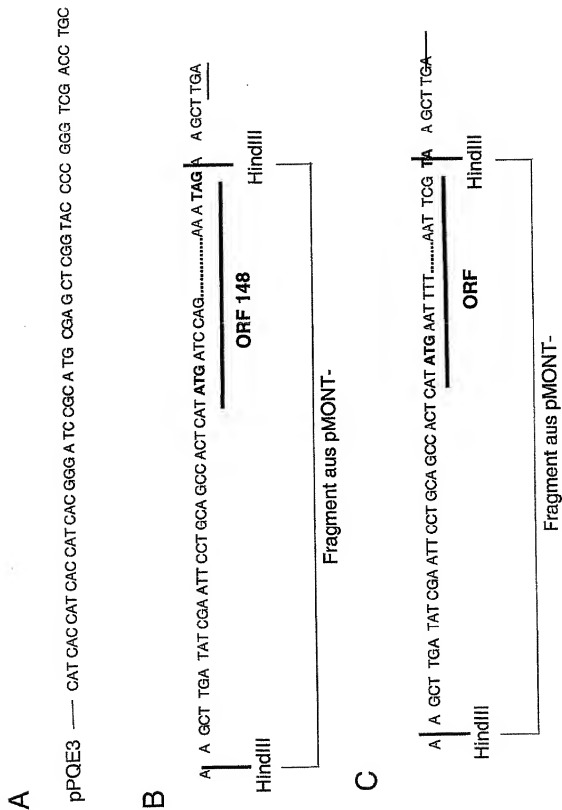
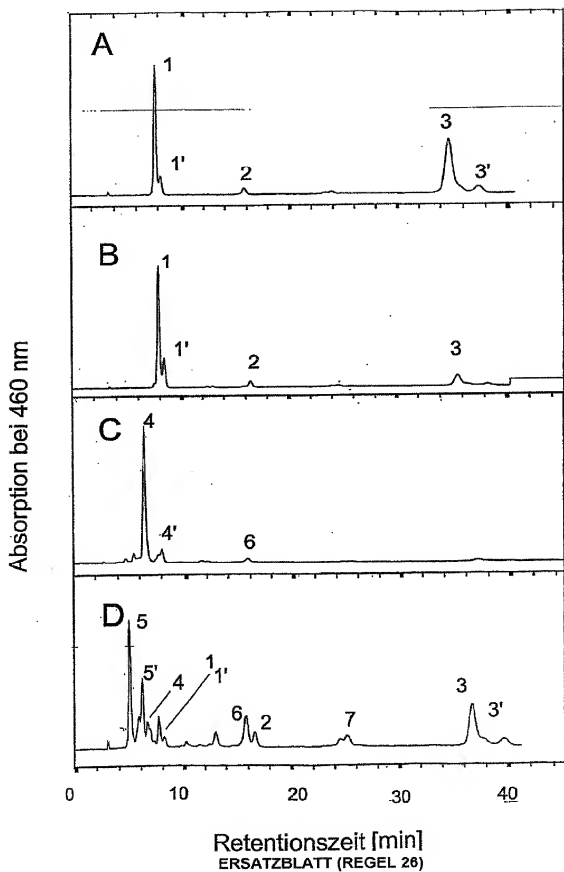


Abbildung 2



Abbildung 3



## Sequenzprotokoll

	<110> BASF Aktiengesellschaft										
5	<120> Verfahren zur Herstellung von Ketocarotinoiden durch Kultivierung von genetisch veränderten Organismen										
	<130> AE 20020904										
10	<160> 12										
	<170> PatentIn version 3.1										
15	<210> 1										
	<211> 789										
20	<212> DNA										
	<213> Nostoc sp., PCC73102										
	<220>										
25	<221> CDS										
	<222> (1)..(789)										
30	<223>										
	<400> 1										
35	ttg aat ttt tgt gat aaa cca gtt agc tat tat gtt gca ata gag caa									48	
	Leu Asn Phe Cys Asp Lys Pro Val Ser Tyr Tyr Val Ala Ile Glu Gln										
	1	5	10	15							
40	tta agt gct aaa gaa gat act gtt tgg ggg ctg gtg att gtc ata gta									96	
	Leu Ser Ala Lys Glu Asp Thr Val Trp Gly Leu Val Ile Val Ile Val										
	20	25	30								
45	att att agt ctt tgg gta gct agt ttg gct ttt tta cta gct att aat									144	
	Ile Ile Ser Leu Trp Val Ala Ser Leu Ala Phe Leu Leu Ala Ile Asn										
	35	40	45								
50	tat gcc aaa gtc cca att tgg ttg ata cct att gca ata gtt tgg caa									192	
	Tyr Ala Lys Val Pro Ile Trp Leu Ile Pro Ile Ala Ile Val Trp Gln										
	50	55	60								
50	atg ttc ctt tat aca ggg gta ttt att act gca cat gat gct atg cat									240	
	Met Phe Leu Tyr Thr Gly Leu Phe Ile Thr Ala His Asp Ala Met His										
	65	70	75								
55	ggg tca gtt tat cgt aaa aat ccc aaa att aat aat ttt atc ggt tca									288	
	Gly Ser Val Tyr Arg Lys Asn Pro Lys Ile Asn Asn Phe Ile Gly Ser										
	80	90	95								
60	cta gct gta gca ctt tac gct gtg ttt cca tat caa cag att tta aag									336	
	Leu Ala Val Ala Leu Tyr Ala Val Phe Pro Tyr Gln Gln Met Leu Lys										
	100	105	110								
65	aat cat tgc tta cat cat cgt cat cct gct agc gaa gtt gac cca gat									384	
	Asn His Cys Leu His His Arg His Pro Ala Ser Glu Val Asp Pro Asp										
	115	120	125								
	ttt cat gat ggt aag aga aca aac gct att ttc tgg tat ctc cat ttc									432	
	Phe His Asp Gly Lys Arg Thr Asn Ala Ile Phe Trp Tyr Leu His Phe										

	130	135	140	
5	atg ata gaa tac tcc agt tgg caa cag tta ata gta cta act atc cta Met Ile Glu Tyr Ser Ser Trp Gln Gln Leu Ile Val Leu Thr Ile Leu 145 150 155 160			480
10	ttt aat tta gct aaa tac gtt ttg cac atc cat caa ata aat ctc atc Phe Asn Leu Ala Lys Tyr Val Leu His Ile His Gln Ile Asn Leu Ile 165 170 175			528
15	tta ttt tgg agt att cct cca att tta agt tcc att caa ctg ttt tat Leu Phe Trp Ser Ile Pro Pro Ile Leu Ser Ser Ile Gln Leu Phe Tyr 180 185 190			576
20	ttc gga aca ttt ttg cct cat cga gaa ccc aag aaa gga tat gtt tat Phe Gly Thr Phe Leu Pro His Arg Glu Pro Lys Lys Gly Tyr Val Tyr 195 200 205			624
25	ccc cat tgc agc caa aca ata aaa ttg cca act ttt ttg tca ttt atc Pro His Cys Ser Gln Thr Ile Lys Leu Pro Thr Phe Leu Ser Phe Ile 210 215 220			672
30	gct tgc tac cac ttt ggt tat cat gaa gaa cat cat gag tat ccc cat Ala Cys Tyr His Phe Gly Tyr His Glu Glu His His Glu Tyr Pro His 225 230 235 240			720
35	gta cct tgg tgg caa ctt cca tct gta tat aag cag aga gta ttc aac Val Pro Trp Trp Gln Leu Pro Ser Val Tyr Lys Gln Arg Val Phe Asn 245 250 255			768
40	aat tca gta acc aat tgc taa Asn Ser Val Thr Asn Ser 260			789
45	<210> 2			
50	<211> 262			
55	<212> PRT			
60	<213> Nostoc sp. PCC73102			
65	<400> 2			
70	Leu Asn Phe Cys Asp Lys Pro Val Ser Tyr Tyr Val Ala Ile Glu Gln 1 5 10 15			
75	Leu Ser Ala Lys Glu Asp Thr Val Trp Gly Leu Val Ile Val Ile Val 20 25 30			
80	Ile Ile Ser Leu Trp Val Ala Ser Leu Ala Phe Leu Leu Ala Ile Asn 35 40 45			
85	Tyr Ala Lys Val Pro Ile Trp Leu Ile Pro Ile Ala Ile Val Trp Gln 50 55 60			
90	Met Phe Leu Tyr Thr Gly Leu Phe Ile Thr Ala His Asp Ala Met His 65 70 75 80			

3/15

[illegible]

5	<400> 1	3 gtg Val	atc Ile	cag Gln	tta Leu	gaa Glu	caa Gln	cca Pro	ctc Leu	agt Ser	cat His	caa Gln	gca Ala	aaa Lys	ctg Leu	act Thr	cca Pro	48
10		gta Val	ctg Leu	agc Arg	agt Ser	aaa Lys	tct Ser	gln Gln	ttt Phe	aag Lys	ggg Gly	ctt Leu	ttc Phe	att Ile	gct Ala	ttg Ile	gtc Val	96
15		att Ile	gtt Val	agc Ser	gca Ala	tgg Trp	gtc Val	att Ile	agc Ser	ctg Leu	agt Ser	tta Leu	tta Leu	ctt Leu	tcc Ser	ctt Leu	gac Asp	144
20		atc Ile	tca Ser	aag Lys	cta Leu	aaa Lys	ttt Phe	tgg Trp	atg Met	tta Leu	ttg Leu	cct Pro	gtt Val	ata Ile	cta Leu	tgg Trp	caa Gln	192
25		aca Thr	ttt Phe	tta Leu	tat Tyr	acg Thr	gga Gly	ttt Phe	att Ile	aca Thr	tct Ser	gat His	cat Asp	gcc Ala	atg Met	cat His		240
30		ggc Gly	gta Val	gta Val	ttt Phe	ccc Pro	caa Gln	aac Asn	acc Thr	aag Lys	att Ile	aat Asn	cat His	ttg Leu	att Ile	gga Gly	aca Thr	288
35		ttg Leu	acc Leu	cta Leu	tcc Ser	ctt Leu	tat Tyr	ggt Gly	ctt Leu	tta Leu	cca Pro	tat Tyr	caa Gln	aaa Lys	cta Leu	ttg Leu	aaa Lys	336
40		aaa Lys	cat His	tgg Trp	tta Leu	cac His	cac His	cac His	aat Asn	cca Pro	gca Ala	agc Ser	tca Ser	ata Ile	gac Asp	ccg Pro	gat Asp	384
45		ttt Phe	cac His	aat Asn	ggt Gly	aaa Lys	cac His	caa Gln	agt Ser	ttc Phe	ttt Phe	gca Ala	tgg Trp	tat Tyr	ttt Phe	cat His	ttt Phe	432
50		atg Met	aaa Lys	ggt Gly	tac Tyr	tgg Trp	agt Ser	ggg Gly	caa Gln	ata Ile	att Ile	gcg Ala	ttg Leu	act Thr	att Ile	att Ile		480
55		tat Tyr	aac Asn	ttt Phe	gct Ala	aaa Lys	tac Tyr	ata Ile	ctc Leu	cat His	atc Ile	cca Pro	agt Ser	gat Asp	aac Asn	cta Leu	act Thr	528
60		tac Tyr	ttt Phe	tgg Trp	gtg Val	cta Leu	ccc Pro	tgc Ser	ctt Leu	tta Leu	agt Ser	tca Ser	tta Leu	caa Gln	tta Leu	ttc Phe	tat Tyr	576
65		ttt Phe	ggt Gly	act Thr	ttt Phe	tta Leu	ccc Pro	cat His	agt Ser	gaa Glu	cca Pro	ata Ile	ggg Gly	ggt Gly	tat Tyr	gtt Val	cag Gln	624
70		cct Pro	cat His	tgt Cys	gcc Ala	caa Gln	aca Thr	att Ile	agc Ser	cgt Arg	cct Pro	att Ile	tgg Trp	tgg Trp	tca Ser	ttt Phe	atc Ile	672
75		acg Thr	tgc Cys	tat Tyr	cat His	ttt Phe	ggc Gly	tac Tyr	cac His	gag Glu	gaa Glu	cat His	cac His	gaa Glu	tat Tyr	cct Pro	cat His	720
80		att Ile	tct Ser	tgg Trp	tgg Trp	cag Gln	tta Leu	cca Pro	gaa Glu	att Ile	tac Tyr	aaa Lys	gca Ala	aaa Lys	tag			762

<210> 4  
 <211> 253  
 5 <212> PRT  
 <213> NOSTOC sp. PCC73102  
 10  
 <400> 4  
 15 Val Ile Gln Leu Glu Gln Pro Leu Ser His Gln Ala Lys Leu Thr Pro  
 1 5 10  
 Val Leu Arg Ser Lys Ser Gln Phe Lys Gly Leu Phe Ile Ala Ile Val  
 20 20 25 30  
 Ile Val Ser Ala Trp Val Ile Ser Leu Ser Leu Leu Leu Ser Leu Asp  
 35 40 45  
 25 Ile Ser Lys Leu Lys Phe Trp Met Leu Leu Pro Val Ile Leu Trp Gln  
 50 55 60  
 30 Thr Phe Leu Tyr Thr Gly Leu Phe Ile Thr Ser His Asp Ala Met His  
 65 70 75 80  
 35 Gly Val Val Phe Pro Gln Asn Thr Lys Ile Asn His Leu Ile Gly Thr  
 85 90 95  
 Leu Thr Leu Ser Leu Tyr Gly Leu Leu Pro Tyr Gln Lys Leu Leu Lys  
 100 105 110  
 40 Lys His Trp Leu His His His Asn Pro Ala Ser Ser Ile Asp Pro Asp  
 115 120 125  
 45 Phe His Asn Gly Lys His Gln Ser Phe Phe Ala Trp Tyr Phe His Phe  
 130 135 140  
 50 Met Lys Gly Tyr Trp Ser Trp Gly Gln Ile Ile Ala Leu Thr Ile Ile  
 145 150 155 160  
 55 Tyr Asn Phe Ala Lys Tyr Ile Leu His Ile Pro Ser Asp Asn Leu Thr  
 165 170 175  
 Tyr Phe Trp Val Leu Pro Ser Leu Leu Ser Ser Leu Gln Leu Phe Tyr  
 180 185 190  
 60 Phe Gly Thr Phe Leu Pro His Ser Glu Pro Ile Gly Gly Tyr Val Gln  
 195 200 205  
 65 Pro His Cys Ala Gln Thr Ile Ser Arg Pro Ile Trp Trp Ser Phe Ile  
 210 215 220

Thr Cys Tyr His Phe Gly Tyr His Glu Glu His His Glu Tyr Pro His  
 225 230 235 240  
 5  
 Ile Ser Trp Trp Gln Leu Pro Glu Ile Tyr Lys Ala Lys  
 245 250  
 10  
 <210> 5  
 <211> 1608  
 15  
 <212> DNA  
 <213> Haematococcus pluvialis  
 20  
 <220>  
 <221> CDS  
 25  
 <222> (3)..(971)  
 <223>  
 30  
 <400> 5  
 ct aca ttt cac aag ccc gtg agc ggt gca agc gct ctg ccc cac atc 47  
 Thr Phe His Lys Pro Val Ser Gly Ala Ser Ala Leu Pro His Ile 15  
 1  
 35  
 ggc cca cct cct cat ctc cat cgg tca ttt gct gct acc acg atg ctg 95  
 Gly Pro Pro Pro His Leu His Arg Ser Phe Ala Ala Thr Thr Met Leu 20 25 30  
 40  
 tcg aag ctg cag tca atc agc gtc aag gcc cgc cgc gtt gaa cta gcc 143  
 Ser Lys Leu Gln Ser Ile Ser Val Lys Ala Arg Arg Val Glu Leu Ala 35 40 45  
 45  
 cgc gac atc acg cgg ccc aaa gtc tgc ctg cat gct cag cgg tgc tcg 191  
 Arg Asp Ile Thr Arg Pro Lys Val Cys Leu His Ala Gln Arg Cys Ser 50 55 60  
 50  
 tta gtt cgg ctg cga gtg gca gca cca cag aca gag gag cgc ctg gga 239  
 Leu Val Arg Leu Arg Val Ala Ala Pro Gln Thr Glu Ala Leu Gly 65 70 75  
 55  
 acc gtg cag gct gcc ggc gcg gcc gat gag cac agc gcc gat gta gca 287  
 Thr Val Gln Ala Ala Gly Ala Gly Asp Glu His Ser Ala Asp Val Ala 80 85 90 95  
 60  
 ctc cag cag ctt gac cgg gct atc gca gag cgt cgt gcc cgg cgc aaa 335  
 Leu Gln Gln Leu Ser Arg Ala Ile Ala Glu Arg Arg Ala Arg Arg Lys 100 105 110  
 65  
 cgg gag cag ctg tca tac cag gct gcc gcc att gca gca tca att ggc 383  
 Arg Glu Gln Leu Ser Tyr Gln Ala Ala Ile Ala Ala Ser Ile Gly 115 120 125  
 70  
 gtg tca ggc att gcc atc ttc gcc acc tac ctg aga ttt gcc atg cac 431  
 Val Ser Gly Ile Ala Ile Phe Ala Thr Tyr Leu Arg Phe Ala Met His 130 135 140

	atg acc gtg ggc ggc gca gtg cca tgg ggt gaa gtg gct ggc act ctc Met Thr Val Gly Gly Ala Val Pro Trp Gly Glu Val Ala Gly Thr Leu	479
5	ctc ttg gtg gtt ggt ggc gcg ctc ggc atg gag atg tat gcc cgc tat Leu Leu Val Val Gly Gly Ala Leu Gly Met Glu Met Tyr Ala Arg Tyr	527
10	gca cac aaa gcc atc tgg cat gag tgc cct ctg ggc tgg ctg ctg cac Ala His Lys Ala Ile Trp His Glu Ser Pro Leu Gly Trp Leu Leu His	575
15	aag agc cac cac aca cct cgc act gga ccc ttt gaa gcc aac gac ttg Lys Ser His His Thr Pro Arg Thr Gly Pro Phe Glu Ala Asn Asp Leu	623
20	ttt gca atc atc aat gga ctg ccc gcc atg ctc ctg tgt acc ttt ggc Phe Ala Ile Ile Asn Gly Leu Pro Ala Met Leu Leu Cys Thr Phe Gly	671
25	ttc tgg ctg ccc aac gtc ctg ggc gcg gcc tgc ttt gga gcg ggc ctg Phe Trp Leu Pro Asn Val Leu Gly Ala Ala Cys Phe Gly Ala Gly Leu	719
30	ggc atc acg cta tac ggc atg gca tat atg ttt gta cac gat ggc ctg Gly Ile Thr Leu Tyr Gly Met Ala Tyr Met Phe Val His Asp Gly Leu	767
35	gtg cac agg cgc ttt ccc acc ggc ccc atc gct ggc ctg ccc tac atg Val His Arg Arg Phe Pro Thr Gly Pro Ile Ala Gly Leu Pro Tyr Met	815
40	aag cgc ctg aca gtg gcc cac cag cta cac cac agc ggc aag tac ggt Lys Arg Leu Thr Val Ala His Gln Thr His His Ser Gly Lys Tyr Gly	863
45	ggc gcg ccc tgg ggt atg ttc ttg ggt cca cag gag ctg cag cac att Gly Ala Pro Trp Gly Met Phe Leu Gly Pro Gln Glu Leu Gln His Ile	911
50	cca ggt gcg gcg gag gag gtg gag cga ctg gtc ctg gaa ctg gac tgg Pro Gly Ala Ala Glu Glu Val Glu Arg Leu Val Glu Leu Asp Trp	959
55	tcc aag cgg tag ggtgcggaac caggcacgct ggtttcacac ctcatgcctg Ser Lys Arg	1011
60	tgataaggtg tggctagagc gatgcgtgtg agacgggtat gtcacggtcg actggtctga tggccaatgg catcgcccat gtctgggtcat cacgggctgg ttgcttgggt gaaggtgatg	1071
65	cacatcatca tgtcgggttg gaggggctgg cacagtgtgg gctgaactgg agcagttgtc caggctggcg ttgaatcagt gagggtttgt gattggcggg ttggaagcaa tgactccgcc	1131
70	catattctat ttgtgggagc tgagatgatg gcatgcttgg gatgtgcatg gatcatggta gtgcagcaaa ctatattcac ctagggtgtg ttgtaggagc aggtgaggtc ttgcacattg	1191
75	catgatgtac tcgtcatggt gtgttggtga gaggatggat gtggatggat gtgtattctc agacgtagac cttgactgga ggcttgatcg agagagtggg ccgtattctt tgaagagggg	1251
80	ggctcgtgcc agaaatgggt agtggatgac tgtgacgctg tacattgcag gcaggtgaga tgactgtctt cgattgtaaa atacattcag atgcacaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaa	1311
85		1371
90		1431
95		1491
100		1551
105		1608



<210> 6  
 5 <211> 322  
 <212> PRT  
 <213> Haematococcus pluvialis  
 10  
 <400> 6  
 15 Thr Phe His Lys Pro Val Ser Gly Ala Ser Ala Leu Pro His Ile Gly  
 1 5 10 15  
 20 Pro Pro Pro His Leu His Arg Ser Phe Ala Ala Thr Thr Met Leu Ser  
 20 25 30  
 Lys Leu Gln Ser Ile Ser Val Lys Ala Arg Arg Val Glu Leu Ala Arg  
 35 40 45  
 25 Asp Ile Thr Arg Pro Lys Val Cys Leu His Ala Gln Arg Cys Ser Leu  
 50 55 60  
 30 Val Arg Leu Arg Val Ala Ala Pro Gln Thr Glu Glu Ala Leu Gly Thr  
 65 70 75 80  
 35 Val Gln Ala Ala Gly Ala Gly Asp Glu His Ser Ala Asp Val Ala Leu  
 85 90 95  
 40 Gln Gln Leu Asp Arg Ala Ile Ala Glu Arg Arg Ala Arg Arg Lys Arg  
 100 105 110  
 Glu Gln Leu Ser Tyr Gln Ala Ala Ala Ile Ala Ala Ser Ile Gly Val  
 115 120 125  
 45 Ser Gly Ile Ala Ile Phe Ala Thr Tyr Leu Arg Phe Ala Met His Met  
 130 135 140  
 50 Thr Val Gly Gly Ala Val Pro Trp Gly Glu Val Ala Gly Thr Leu Leu  
 145 150 155 160  
 55 Leu Val Val Gly Gly Ala Leu Gly Met Glu Met Tyr Ala Arg Tyr Ala  
 165 170 175  
 60 His Lys Ala Ile Trp His Glu Ser Pro Leu Gly Trp Leu Leu His Lys  
 180 185 190  
 Ser His His Thr Pro Arg Thr Gly Pro Phe Glu Ala Asn Asp Leu Phe  
 195 200 205  
 65 Ala Ile Ile Asn Gly Leu Pro Ala Met Leu Leu Cys Thr Phe Gly Phe

	210	215	220	
5	Trp Leu Pro Asn Val 225	Leu Gly Ala Ala Cys 230	Phe Gly Ala Gly Leu 235 240	
10	Ile Thr Leu Tyr 245	Gly Met Ala Tyr Met 250	Phe Val His Asp Gly Leu 255	Val
15	His Arg Arg Phe 260	Pro Thr Gly Pro Ile 265	Ala Gly Leu Pro Tyr Met 270	Lys
20	Ala Pro Trp Gly Met Phe 290	Leu Gly Pro Gln Gln 295	Leu Gln His Ile Pro 300	
25	Gly Ala Ala Glu Gln 305	Val Gln Arg Leu Val 310	Leu Glu Leu Asp Trp 315 320	Ser
30	Lys Arg			
35	<210> 7			
	<211> 1650			
	<212> DNA			
	<213> Lycopersicon esculentum			
40	<220>			
	<221> CDS			
45	<222> (112)..(1614)			
	<223>			
50	<400> 7			
55	ggcagcagga aactttttctc tcttcactag ctgtttacat gcttgaaatt tcaagatttt			60
	aggaccccat ttgaagtttt cttgaaacaa atattaccct gttggaaaaa g atg gat			117
				Met Asp 1
60	act ttg ttg aaa acc cca aat aac ctt gaa ttt ctg aac cca cat cat			165
	Thr Leu Leu Lys Thr Pro Asn Asn 10 Leu Glu Phe Leu 15			Asn Pro His His
65	ggt ttt gct gtt aaa gct agt acc ttt aga tct gag aag cat cat aat			213
	Gly Phe Ala Val Lys Ala Ser Thr Phe Arg Ser Glu 30			Lys His His Asn
	ttt ggt tct agg aag ttt tgt gaa act ttg ggt aga agt gtt tgt gtt			261

10/15

	Phe	Gly	Ser	Arg	Lys	Phe	Cys	Glu	Thr	Leu	Gly	Arg	Ser	Val	Cys	Val	
	35					40					45				50		
5	aag	ggt	agt	agt	agt	gct	ctt	tta	gag	ctt	gta	cct	gag	acc	aaa	aag	309
	Lys	Gly	Ser	Ser	Ser	Ala	Leu	Leu	Glu	Leu	Val	Pro	Glu	Thr	Lys	Lys	
					55					60					65		
10	gag	aat	ctt	gat	ttt	gag	ctt	cct	atg	tat	gac	cct	tca	aaa	ggg	gtt	357
	Glu	Asn	Leu	Asp	Phe	Glu	Leu	Pro	Met	Tyr	Asp	Pro	Ser	Lys	Gly	Val	
				70					75					80			
15	gtt	gtg	gat	ctt	gct	gtg	gtt	ggt	ggc	cct	gca	gga	ctt	gct	gtt		405
	Val	Val	Asp	Leu	Ala	Val	Val	Gly	Gly	Pro	Ala	Gly	Leu	Ala	Val		
			85					90					95				
20	gca	cag	caa	gtt	tct	gaa	gca	gga	ctc	tct	gtt	tgt	tca	att	gat	ccg	453
	Ala	Gln	Gln	Val	Ser	Glu	Ala	Gly	Leu	Ser	Val	Cys	Ser	Ile	Asp	Pro	
		100					105					110					
25	aat	cct	aaa	ttg	ata	tgg	cct	aat	aac	tat	ggt	ggt	tgg	gtg	gat	gaa	501
	Asn	Pro	Lys	Leu	Ile	Trp	Pro	Asn	Asn	Tyr	Gly	Val	Trp	Val	Asp	Glu	
		115				120					125					130	
30	ttt	gag	gct	atg	gac	ttg	tta	gat	tgt	cta	gat	gct	acc	tgg	tct	ggt	549
	Phe	Glu	Ala	Met	Asp	Leu	Leu	Asp	Cys	Leu	Asp	Ala	Thr	Trp	Ser	Gly	
				135						140				145			
35	gca	gca	gtg	tac	att	gat	gat	aat	acg	gct	aaa	gat	ctt	cat	aga	cct	597
	Ala	Ala	Val	Tyr	Ile	Asp	Asp	Asn	Thr	Ala	Lys	Asp	Leu	His	Arg	Pro	
				150					155					160			
40	tat	gga	agg	gtt	aac	cgg	aaa	cag	ctg	aaa	tcg	aaa	atg	atg	cag	aaa	645
	Tyr	Gly	Arg	Val	Asn	Arg	Lys	Gln	Leu	Lys	Ser	Lys	Met	Met	Gln	Lys	
			165					170					175				
45	tgt	ata	atg	aat	ggt	gtt	aaa	ttc	cac	caa	gcc	aaa	gtt	ata	aag	gtg	693
	Cys	Ile	Met	Asn	Gly	Val	Lys	Phe	His	Gln	Ala	Lys	Val	Ile	Lys	Val	
		180					185					190					
50	att	cat	gag	gaa	tcg	aaa	tcc	atg	ttg	ata	tgc	aat	gat	ggt	att	act	741
	Ile	His	Glu	Glu	Ser	Lys	Ser	Met	Leu	Ile	Cys	Asn	Asp	Gly	Ile	Thr	
		195				200					205					210	
55	att	cag	gca	acg	gtg	gtg	ctc	gat	gca	act	ggc	ttc	tct	aga	tct	ctt	789
	Ile	Gln	Ala	Thr	Val	Val	Leu	Asp	Ala	Thr	Gly	Phe	Ser	Arg	Ser	Leu	
				215						220				225			
60	gtt	cag	tat	gat	aag	cct	tat	aac	ccc	ggg	tat	caa	gtt	gct	tat	ggc	837
	Val	Gln	Tyr	Asp	Lys	Pro	Tyr	Asn	Pro	Gly	Tyr	Gln	Val	Ala	Tyr	Gly	
				230					235					240			
65	att	ttg	gct	gaa	gtg	gaa	gag	cac	ccc	ttt	gat	gta	aac	aag	atg	gtt	885
	Ile	Leu	Ala	Glu	Val	Glu	Glu	His	Pro	Phe	Asp	Val	Asn	Lys	Met	Val	
			245					250					255				
70	ttc	atg	gat	tgg	cga	gat	tct	cat	ttg	aag	aac	aat	act	gat	ctc	aag	933
	Phe	Met	Asp	Trp	Arg	Asp	Ser	His	Leu	Lys	Asn	Asn	Thr	Asp	Leu	Lys	
		260					265						270				
75	gag	aga	aat	agt	aga	ata	cca	act	ttt	ctt	tat	gca	atg	cca	ttt	tca	981
	Glu	Arg	Asn	Ser	Arg	Ile	Pro	Thr	Phe	Leu	Tyr	Ala	Met	Pro	Phe	Ser	
		275				280					285					290	
80	tcc	aac	agg	ata	ttt	ctt	gaa	gaa	aca	tca	ctc	gta	gct	cgt	cct	ggc	1029
	Ser	Asn	Arg	Ile	Phe	Leu	Glu	Glu	Thr	Ser	Leu	Val	Ala	Arg	Pro	Gly	
				295						300					305		

11/15

	ttg	cgt	ata	gat	gat	att	caa	gaa	cga	atg	gtg	gct	cgt	tta	aac	cat	1077
	Leu	Arg	Ile	Asp	Asp	Ile	Gln	Glu	Arg	Met	Val	Ala	Arg	Leu	Asn	His	
				310					315					320			
5	ttg	ggg	ata	aaa	gtg	aag	agc	att	gaa	gaa	gat	gaa	cat	tgt	cta	ata	1125
	Leu	Gly	Ile	Lys	Val	Lys	Ser	Ile	Glu	Glu	Asp	Glu	His	Cys	Leu	Ile	
			325					330					335				
10	cca	atg	ggg	ggg	cca	ctt	cca	gta	tta	cct	cag	aga	gtc	gtt	gga	atc	1173
	Pro	Met	Gly	Gly	Pro	Leu	Pro	Val	Leu	Pro	Gln	Arg	Val	Val	Gly	Ile	
			340				345						350				
15	ggg	ggg	aca	gct	ggc	atg	gtt	cat	cca	tcc	acc	ggg	tat	atg	gtg	gca	1221
	Gly	Gly	Thr	Ala	Gly	Met	Val	His	Pro	Ser	Thr	Gly	Tyr	Met	Val	Ala	
	355					360					365					370	
	agg	aca	cta	gct	ggc	gct	cct	gtt	gtt	gcc	aat	gcc	ata	att	caa	tac	1269
	Arg	Thr	Leu	Ala	Ala	Ala	Pro	Val	Val	Ala	Asn	Ala	Ile	Ile	Gln	Tyr	
					375					380					385		
20	ctc	ggg	tct	gaa	aga	agt	cat	tcg	ggg	aat	gaa	tta	tcc	aca	gct	gtt	1317
	Leu	Gly	Ser	Glu	Arg	Ser	His	Ser	Gly	Asn	Glu	Leu	Ser	Thr	Ala	Val	
				390					395					400			
25	tgg	aaa	gat	ttg	tgg	cct	ata	gag	agg	aga	cgt	caa	aga	gag	ttc	ttc	1365
	Trp	Lys	Asp	Leu	Trp	Pro	Ile	Glu	Arg	Arg	Arg	Gln	Arg	Glu	Phe	Phe	
				405				410					415				
30	tgc	ttc	ggg	atg	gat	att	ctt	ctg	aag	ctt	gat	tta	cct	gct	aca	aga	1413
	Cys	Phe	Gly	Met	Asp	Ile	Leu	Leu	Lys	Leu	Asp	Leu	Pro	Ala	Thr	Arg	
				420			425						430				
35	agg	ttc	ttt	gat	gca	ttc	ttt	gac	tta	gaa	cct	cgt	tat	tgg	cat	ggc	1461
	Arg	Phe	Phe	Asp	Ala	Phe	Phe	Asp	Leu	Glu	Pro	Arg	Tyr	Trp	His	Gly	
	435				440					445						450	
	ttc	tta	tcg	tct	cga	ttg	ttt	cta	cct	gaa	ctc	ata	gtt	ttt	ggg	ctg	1509
	Phe	Leu	Ser	Ser	Arg	Leu	Phe	Leu	Pro	Glu	Leu	Ile	Val	Phe	Gly	Leu	
					455					460					465		
40	tct	cta	ttc	tct	cat	gct	tca	aat	act	tct	aga	ttt	gag	ata	atg	aca	1557
	Ser	Leu	Phe	Ser	His	Ala	Ser	Asn	Thr	Ser	Arg	Phe	Glu	Ile	Met	Thr	
				470				475					480				
45	aag	gga	act	gtt	cca	tta	gta	aat	atg	atc	aac	aat	ttg	tta	cag	gat	1605
	Lys	Gly	Thr	Val	Pro	Leu	Val	Asn	Met	Ile	Asn	Asn	Leu	Leu	Gln	Asp	
				485			490						495				
50	aaa	gaa	tga	atccgagtaa	ttcggaaatct	tgccaatct	cgtgcc										1650
	Lys	Glu		500													
	<210>	8															
55	<211>	500															
	<212>	PRT															
60	<213>	Lycopersicon esculentum															
	<400>	8															
65	Met	Asp	Thr	Leu	Leu	Lys	Thr	Pro	Asn	Asn	Leu	Glu	Phe	Leu	Asn	Pro	
	1				5					10					15		

His His Gly Phe Ala Val Lys Ala Ser Thr Phe Arg Ser Glu Lys His  
 20 25 30  
 5  
 His Asn Phe Gly Ser Arg Lys Phe Cys Glu Thr Leu Gly Arg Ser Val  
 35 40 45  
 10  
 Cys Val Lys Gly Ser Ser Ser Ala Leu Leu Glu Leu Val Pro Glu Thr  
 50 55 60  
 15  
 Lys Lys Glu Asn Leu Asp Phe Glu Leu Pro Met Tyr Asp Pro Ser Lys  
 65 70 75 80  
 20  
 Gly Val Val Val Asp Leu Ala Val Val Gly Gly Gly Pro Ala Gly Leu  
 85 90 95  
 25  
 Ala Val Ala Gln Gln Val Ser Glu Ala Gly Leu Ser Val Cys Ser Ile  
 100 105 110  
 30  
 Asp Pro Asn Pro Lys Leu Ile Trp Pro Asn Asn Tyr Gly Val Trp Val  
 115 120 125  
 35  
 Asp Glu Phe Glu Ala Met Asp Leu Leu Asp Cys Leu Asp Ala Thr Trp  
 130 135 140  
 40  
 Ser Gly Ala Ala Val Tyr Ile Asp Asp Asn Thr Ala Lys Asp Leu His  
 145 150 155 160  
 45  
 Arg Pro Tyr Gly Arg Val Asn Arg Lys Gln Leu Lys Ser Lys Met Met  
 165 170 175  
 50  
 Gln Lys Cys Ile Met Asn Gly Val Lys Phe His Gln Ala Lys Val Ile  
 180 185 190  
 55  
 Lys Val Ile His Glu Glu Ser Lys Ser Met Leu Ile Cys Asn Asp Gly  
 195 200 205  
 60  
 Ile Thr Ile Gln Ala Thr Val Val Leu Asp Ala Thr Gly Phe Ser Arg  
 210 215 220  
 65  
 Ser Leu Val Gln Tyr Asp Lys Pro Tyr Asn Pro Gly Tyr Gln Val Ala  
 225 230 235 240  
 70  
 Tyr Gly Ile Leu Ala Glu Val Glu Glu His Pro Phe Asp Val Asn Lys  
 245 250 255  
 75  
 Met Val Phe Met Asp Trp Arg Asp Ser His Leu Lys Asn Asn Thr Asp  
 260 265 270  
 80  
 Leu Lys Glu Arg Asn Ser Arg Ile Pro Thr Phe Leu Tyr Ala Met Pro

13/15

275

280

285

5 Phe Ser Ser Asn Arg Ile Phe Leu Glu Glu Thr Ser Leu Val Ala Arg  
 290 295 300  
 10 Pro Gly Leu Arg Ile Asp Asp Ile Gln Glu Arg Met Val Ala Arg Leu  
 305 310 315 320  
 15 Asn His Leu Gly Ile Lys Val Lys Ser Ile Glu Glu Asp Glu His Cys  
 325 330 335  
 20 Leu Ile Pro Met Gly Gly Pro Leu Pro Val Leu Pro Gln Arg Val Val  
 340 345 350  
 25 Gly Ile Gly Gly Thr Ala Gly Met Val His Pro Ser Thr Gly Tyr Met  
 355 360 365  
 30 Val Ala Arg Thr Leu Ala Ala Ala Pro Val Val Ala Asn Ala Ile Ile  
 370 375 380  
 35 Gln Tyr Leu Gly Ser Glu Arg Ser His Ser Gly Asn Glu Leu Ser Thr  
 385 390 395 400  
 40 Ala Val Trp Lys Asp Leu Trp Pro Ile Glu Arg Arg Arg Gln Arg Glu  
 405 410 415  
 45 Phe Phe Cys Phe Gly Met Asp Ile Leu Leu Lys Leu Asp Leu Pro Ala  
 420 425 430  
 50 Thr Arg Arg Phe Phe Asp Ala Phe Phe Asp Leu Glu Pro Arg Tyr Trp  
 435 440 445  
 55 His Gly Phe Leu Ser Ser Arg Leu Phe Leu Pro Glu Leu Ile Val Phe  
 450 455 460  
 60 Gly Leu Ser Leu Phe Ser His Ala Ser Asn Thr Ser Arg Phe Glu Ile  
 465 470 475 480  
 65 Met Thr Lys Gly Thr Val Pro Leu Val Asn Met Ile Asn Asn Leu Leu  
 485 490 495  
 70 Gln Asp Lys Glu  
 500  
 75 <210> 9  
 <211> 22  
 <212> DNA  
 80 <213> künstliche Sequenz

<220>  
5 <221> Primer  
<222> (1)..(22)  
10 <223> 148-Start  
  
15 <400> 9  
atgatccagt tagaacaacc ac 22  
  
20 <210> 10  
<211> 24  
<212> DNA  
<213> künstliche Sequenz  
25  
  
30 <220>  
<221> Primer  
<222> (1)..(24)  
<223> 148-End  
35  
  
40 <400> 10  
ctatattgct ttgtaaattt ctgg 24  
  
45 <210> 11  
<211> 26  
<212> DNA  
<213> künstliche Sequenz  
50  
  
55 <220>  
<221> Primer  
<222> (1)..(26)  
<223> 38-Start  
60  
  
65 <400> 11  
atgaattttt gtgataaacc agttag 26  
  
<210> 12

- <211> 23  
<212> DNA  
5 <213> künstliche Sequenz
- <220>  
10 <221> Primer  
<222> (1)..(23)  
15 <223> 38-End
- <400> 12  
20 acgaattggt tactgaattg ttg



## INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No.  
PCT/EP 03/14876A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER  
IPC 7 C12N9/00 C12N9/02 C12P23/00 C12N5/04

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

## B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)  
IPC 7 C12N C12P C07C

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data bases consulted during the International search (name of data base and, where practical, search terms used)

EPO-Internal, BIOSIS, EMBL, MEDLINE

## C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
Y	EP 0 735 137 A (KIRIN BREWERY ;MARINE BIOTECH INST CO LTD (JP)) 2 October 1996 (1996-10-02) cited in the application the whole document	1-43
Y	WO 99/07867 A (CALGENE LLC) 18 February 1999 (1999-02-18) the whole document	1-43
Y	WO 99/61652 A (UNIV MARYLAND ;CUNNINGHAM FRANCIS X (US)) 2 December 1999 (1999-12-02) the whole document	1-43
-/-		

☒ Further documents are listed in the continuation of box C.☒ Patent family members are listed in annex.

## \* Special categories of cited documents:

\*A\* document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance

\*E\* earlier document but published on or after the international filing date

\*L\* document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)

\*O\* document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means

\*P\* document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

\*T\* later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention

\*X\* document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone

\*YY\* document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art.

\*Z\* document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search

13 May 2004

Date of mailing of the international search report

23/06/2004

Name and mailing address of the ISA  
European Patent Office, P.O. Box 5518 Patentamt 2  
NL - 2280 HV Rijswijk  
Tel (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,  
Fax: (+31-70) 340-9006

Authorized officer

Vogt, T

## INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No

PCT/EP 03/14876

## C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
Y	MEEKS JOHN C ET AL: "An overview of the genome of Nostoc punctiforme, a multicellular, symbiotic cyanobacterium" PHOTOSYNTHESIS RESEARCH, vol. 70, no. 1, 2001, pages 85-106, XP002280191 ISSN: 0166-8595 the whole document	1-43
P,X	WO 03/012056 A (CHENG QIONG ;DU PONT (US); TAO LUAN (US)) 13 February 2003 (2003-02-13) the whole document	1-43
P,X	WO 03/080849 A (BALL HORTICULTURAL COMPANY) 2 October 2003 (2003-10-02) the whole document	1-43
E	WO 2004/018693 A (KLEBSATTEL MARTIN ;HERBERS KARIN (DE); KUNZE IRENE (DE); FLACHMANN) 4 March 2004 (2004-03-04) page E	1-43
E	WO 2004/018694 A (KLEBSATTEL MARTIN ;FLACHMANN RALF (DE); SAUER MATT (DE); SCHOPFER) 4 March 2004 (2004-03-04) the whole document	1-43
E	DE 102 38 978 A (SUNGENE GMBH & CO KGAA) 4 March 2004 (2004-03-04) the whole document	1-43
A	KANEKO T ET AL: "Complete genomic sequence of the filamentous nitrogen-fixing cyanobacterium Anabaena sp. strain PCC 7120" DNA RESEARCH, UNIVERSAL ACADEMY PRESS, JP, vol. 8, no. 5, 31 October 2001 (2001-10-31), pages 205-213, XP002262221 ISSN: 1340-2838 the whole document	
X	& DATABASE EMBL 'Online! Accession No: Q8YSA0, 1 March 2002 (2002-03-01) 55.8% identity to SEQ ID NO: 2 59.0% identity to SEQ ID NO: 4 abstract	39,40

-/-

## INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No.

PCT/EP 03/14876

## C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
P, A	MOFFITT MICHELLE C ET AL: "Evolutionary affiliations within the superfamily of ketosynthases reflect complex pathway associations." JOURNAL OF MOLECULAR EVOLUTION. UNITED STATES APR 2003, vol. 56, no. 4, April 2003 (2003-04), pages 446-457, XP001181370 ISSN: 0022-2844 the whole document	
P, X	& DATABASE EMBL 'Online! Accession No: Q847D1, 1 June 2003 (2003-06-01) 61.9% identity to SEQ ID NO: 2 78.9% identity to SEQ ID NO: 4 abstract	39, 40
A	MISAWA N ET AL: "Metabolic engineering for the production of carotenoids in non-carotenogenic bacteria and yeasts" JOURNAL OF BIOTECHNOLOGY, ELSEVIER SCIENCE PUBLISHERS, AMSTERDAM, NL, vol. 59, no. 3, 3 January 1998 (1998-01-03), pages 169-181, XP004113748 ISSN: 0168-1656	
A	LEE P C ET AL: "Metabolic engineering towards biotechnological production of carotenoids in microorganisms." APPLIED MICROBIOLOGY AND BIOTECHNOLOGY, vol. 60, no. 1-2, October 2002 (2002-10), pages 1-11, XP002280186 ISSN: 0175-7598 the whole document	
A	SIEIRO C ET AL: "Genetic basis of microbial carotenogenesis." INTERNATIONAL MICROBIOLOGY: THE OFFICIAL JOURNAL OF THE SPANISH SOCIETY FOR MICROBIOLOGY. SPAIN MAR 2003, vol. 6, no. 1, March 2003 (2003-03), pages 11-16, XP009030878 ISSN: 1139-6709 the whole document	

-/-

# INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No.

PCT/EP 03/14876

C. (Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT		
Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	<p>MISAWA N ET AL: "STRUCTURE AND FUNCTIONAL ANALYSIS OF A MARINE BACTERIAL CAROTENOID BIOSYNTHESIS GENE CLUSTER AND ASTAXANTHIN BIOSYNTHETIC PATHWAY PROPOSED AT THE GENE LEVEL"</p> <p>JOURNAL OF BACTERIOLOGY, WASHINGTON, DC, US,</p> <p>vol. 177, no. 22,</p> <p>1 November 1995 (1995-11-01), pages 6575-6584, XP000196417</p> <p>ISSN: 0021-9193</p> <p>cited in the application</p> <p>the whole document</p> <p>-----</p>	

# INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Information on patent family members

International Application No

PCT/EP 03/14876

Patent document cited in search report		Publication date	Patent family member(s)	Publication date
EP 0735137	A	02-10-1996	AU 702584 B2	25-02-1999
			AU 1281195 A	17-07-1995
			CA 2180024 A1	06-07-1995
			EP 0735137 A1	02-10-1996
			FI 962633 A	23-08-1996
			JP 3375639 B2	10-02-2003
			KR 231454 B1	01-12-1999
			NO 962689 A	27-08-1996
			US 5811273 A	22-09-1998
			EP 1203818 A2	08-05-2002
			WO 9518220 A1	06-07-1995
			US 5972690 A	26-10-1999
			US 6150130 A	21-11-2000
WO 9907867	A	18-02-1999	US 6429356 B1	06-08-2002
			AU 747542 B2	16-05-2002
			AU 8900298 A	01-03-1999
			CA 2299631 A1	18-02-1999
			CN 1275166 T	29-11-2000
			EP 1002117 A1	24-05-2000
			JP 2001512688 T	28-08-2001
			US 2002092039 A1	11-07-2002
			WO 9907867 A1	18-02-1999
			WO 9961652	A
BR 9917159 A	17-12-2002			
CA 2333281 A1	02-12-1999			
EP 1185682 A1	13-03-2002			
JP 2002516117 T	04-06-2002			
WO 9961652 A1	02-12-1999			
US 6551807 B1	22-04-2003			
WO 03012056	A	13-02-2003		
			WO 03012056 A2	13-02-2003
			US 2003100045 A1	29-05-2003
			WO 03080849	A
US 2004003430 A1	01-01-2004			
WO 03080849 A2	02-10-2003			
WO 2004002214 A2	08-01-2004			
US 2004010826 A1	15-01-2004			
US 2004022881 A1	05-02-2004			
WO 2004018693	A	04-03-2004		
			DE 10238978 A1	04-03-2004
			DE 10238979 A1	26-02-2004
			WO 2004018688 A1	04-03-2004
			WO 2004018693 A2	04-03-2004
			WO 2004018385 A2	04-03-2004
			WO 2004018694 A2	04-03-2004
			WO 2004018695 A2	04-03-2004
			WO 2004017749 A2	04-03-2004
			WO 2004022765 A2	18-03-2004
			WO 2004027069 A1	01-04-2004
			WO 2004018694	A
DE 10238978 A1	04-03-2004			
DE 10238979 A1	26-02-2004			

# INTERNATIONAL SEARCH REPORT

(Information on patent family members)

International Application No.

PCT/EP 03/14876

Patent document cited in search report	Publication date	Patent family member(s)	Publication date
WO 2004018694 A		WO 2004018688 A1	04-03-2004
		WO 2004018693 A2	04-03-2004
		WO 2004018385 A2	04-03-2004
		WO 2004018694 A2	04-03-2004
		WO 2004018695 A2	04-03-2004
		WO 2004017749 A2	04-03-2004
		WO 2004022765 A2	18-03-2004
		WO 2004027069 A1	01-04-2004
DE 10238978 A	04-03-2004	DE 10238978 A1	04-03-2004
		WO 2004018693 A2	04-03-2004
		WO 2004018385 A2	04-03-2004
		WO 2004018694 A2	04-03-2004
		WO 2004018695 A2	04-03-2004
		WO 2004017749 A2	04-03-2004

# INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen

PCT/EP 03/14876

## A. KLASIFIZIERUNG DES ANMELDUNGSGEGENSTANDES

IPK 7 C12N9/00 C12N9/02 C12P23/00 C12N5/04

Nach der internationalen Patentklassifikation (IPK) oder nach der nationalen Klassifikation und der IPK

## B. RESEARCHIERTE GEBIETE

Researchierter Mindestprüfstoff (Klassifikationssystem und Klassifikationsgebiete)

IPK 7 C12N C12P C07C

Researchierte aber nicht zum Mindestprüfstoff gehörende Veröffentlichungen, soweit diese unter die researchierten Gebiete fallen

Während der internationalen Recherche konsultierte elektronische Datenbank (Name der Datenbank und evtl. verwendete Suchbegriffe)

EPO-Internal, BIOSIS, EMBL, MEDLINE

## C. ALS WESENTLICH ANGESEHENE URELAGE

Kategorie	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Beit. Anspruch Nr.
Y	EP 0 735 137 A (KIRIN BREWERY ; MARINE BIOTECH INST CO LTD (JP)) 2. Oktober 1996 (1996-10-02) in der Anmeldung erwähnt das ganze Dokument	1-43
Y	WO 99/07867 A (CALGENE LLC) 18. Februar 1999 (1999-02-18) das ganze Dokument	1-43
Y	WO 99/61652 A (UNIV MARYLAND ; CUNNINGHAM FRANCIS X (US)) 2. Dezember 1999 (1999-12-02) das ganze Dokument	1-43

---



Weitere Veröffentlichungen sind der Fortsetzung von Feld C zu entnehmen



Siehe Anhang Patentfamilie

\* Besondere Kategorien von angegebenen Veröffentlichungen :  
"A" Veröffentlichung, die den allgemeinen Stand der Technik definiert, aber nicht als besonders bedeutsam anzusehen ist

"B" anderes Dokument, das jedoch erst am oder nach dem internationalen Anmeldedatum veröffentlicht worden ist

"L" Veröffentlichung, die geeignet ist, einen Prioritätsanspruch zweithelb erschließen zu lassen, oder durch die das Veröffentlichungsdatum einer anderen im Recherchenbericht genannten Veröffentlichung belegt werden soll oder die aus einem anderen besonderen Grund angegeben ist (siehe Ausführungen)

"O" Veröffentlichung, die sich auf eine mündliche Offenbarung, eine Benützung, eine Ausstellung oder andere Maßnahmen bezieht  
"P" Veröffentlichung, die vor dem internationalen Anmeldedatum, aber nach dem beanspruchten Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist

"T" Spätere Veröffentlichung, die nach dem internationalen Anmeldedatum oder dem Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist und mit der Anmeldung nicht kollidiert, sondern nur zum Verständnis des der Erfindung zugrundeliegenden Prinzips oder der ihr zugrundeliegenden Theorie angegeben ist

"X" Veröffentlichung von besonderer Bedeutung, die beanspruchte Erfindung kann allein aufgrund dieser Veröffentlichung nicht als neu oder auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden

"Y" Veröffentlichung von besonderer Bedeutung, die beanspruchte Erfindung kann nicht als auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden, wenn die Veröffentlichung mit einer oder mehreren anderen Veröffentlichungen dieser Kategorie in Verbindung gebracht wird und diese Verbindung für einen Fachmann naheliegend ist

"Z" Veröffentlichung, die Mitglied derselben Patentfamilie ist

Datum des Abschlusses der internationalen Recherche

13. Mai 2004

Abschließdatum des internationalen Recherchenberichts

23/06/2004

Name und Postanschrift der internationalen Recherchenbehörde  
Europäisches Patentamt, P.B. 5818 Patentamt 2  
NL - 2220 HV Rijswijk  
Tel. (+31-70) 940-6900, Tx. 31 651 opo nt,  
Fax: (+31-70) 940-9016

Bevollmächtigter Beauftragter

Vogt, T

# INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Abkürzungen  
PCT/EP 03/14876

C.(Fortsetzung) ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN		
Kategorie	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Seit. Anspruch Nr.
Y	MEEKS JOHN C ET AL: "An overview of the genome of Nostoc punctiforme, a multicellular, symbiotic cyanobacterium" PHOTOSYNTHESIS RESEARCH, Bd. 70, Nr. 1, 2001, Seiten 85-106, XP002280191 ISSN: 0166-8595 das ganze Dokument	1-43
P,X	WO 03/012056 A (CHENG QIONG ;DU PONT (US); TAO LUAN (US)) 13. Februar 2003 (2003-02-13) das ganze Dokument	1-43
P,X	WO 03/080849 A (BALL HORTICULTURAL COMPANY) 2. Oktober 2003 (2003-10-02) das ganze Dokument	1-43
E	WO 2004/018693 A (KLEBSATTEL MARTIN ;HERBERS KARIN (DE); KUNZE IRENE (DE); FLACHMANN) 4. März 2004 (2004-03-04) Seite E	1-43
E	WO 2004/018694 A (KLEBSATTEL MARTIN ;FLACHMANN RALF (DE); SAUER MATT (DE); SCHOPFER) 4. März 2004 (2004-03-04) das ganze Dokument	1-43
E	DE 102 38 978 A (SUNGEE GMBH & CO KGAA) 4. März 2004 (2004-03-04) das ganze Dokument	1-43
A	KANEKO T ET AL: "Complete genomic sequence of the filamentous nitrogen-fixing cyanobacterium Anabaena sp. strain PCC 7120" DNA RESEARCH, UNIVERSAL ACADEMY PRESS, JP, Bd. 8, Nr. 5, 31. Oktober 2001 (2001-10-31), Seiten 205-213, XP002262221 ISSN: 1340-2838 das ganze Dokument	
X	& DATABASE EMBL 'Online! Accession No: OBYSAO, 1. März 2002 (2002-03-01) 55.8% identity to SEQ ID NO: 2 59.0% identity to SEQ ID NO: 4 Zusammenfassung	39,40

-/-



# INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen

PCT/EP 03/14876

C (Fortsetzung) ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN		
Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
P, A	<p>MOFFITT MICHELLE C ET AL: "Evolutionary affiliations within the superfamily of ketosynthases reflect complex pathway associations." JOURNAL OF MOLECULAR EVOLUTION. UNITED STATES APR 2003, Bd. 56, Nr. 4, Apr11 2003 (2003-04), Seiten 446-457, XP001181370 ISSN: 0022-2844</p>	
P, X	<p>das ganze Dokument &amp; DATABASE EMBL 'Online! Accession No: Q847D1, 1. Juni 2003 (2003-06-01) 61.9% identity to SEQ ID NO: 2 78.9% identity to SEQ ID NO: 4 Zusammenfassung</p>	39,40
A	<p>MISAWA N ET AL: "Metabolic engineering for the production of carotenoids in non-carotenogenic bacteria and yeasts" JOURNAL OF BIOTECHNOLOGY, ELSEVIER SCIENCE PUBLISHERS, AMSTERDAM, NL, Bd. 59, Nr. 3, 3. Januar 1998 (1998-01-03), Seiten 169-181, XP004113748 ISSN: 0168-1656</p>	
A	<p>LEE P C ET AL: "Metabolic engineering towards biotechnological production of carotenoids in microorganisms." APPLIED MICROBIOLOGY AND BIOTECHNOLOGY, Bd. 60, Nr. 1-2, Oktober 2002 (2002-10), Seiten 1-11, XP002280186 ISSN: 0175-7598 das ganze Dokument</p>	
A	<p>SIEIRO C ET AL: "Genetic basis of microbial carotenogenesis." INTERNATIONAL MICROBIOLOGY: THE OFFICIAL JOURNAL OF THE SPANISH SOCIETY FOR MICROBIOLOGY. SPAIN MAR 2003, Bd. 6, Nr. 1, März 2003 (2003-03), Seiten 11-16, XP009030878 ISSN: 1139-6709 das ganze Dokument</p>	

-/-

# INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen

PCT/EP 03/14876

C.(Fortsetzung) ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN		
Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
A	<p>MISAWA N ET AL: "STRUCTURE AND FUNCTIONAL ANALYSIS OF A MARINE BACTERIAL CAROTENOID BIOSYNTHESIS GENE CLUSTER AND ASTAXANTHIN BIOSYNTHETIC PATHWAY PROPOSED AT THE GENE LEVEL"</p> <p>JOURNAL OF BACTERIOLOGY, WASHINGTON, DC, US,</p> <p>Bd. 177, Nr. 22,</p> <p>1. November 1995 (1995-11-01), Seiten 6575-6584, XP000196417</p> <p>ISSN: 0021-9193</p> <p>in der Anmeldung erwähnt</p> <p>das ganze Dokument</p> <p>_____</p>	

# INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Angaben zu Veröffentlichungen, die zur selben Patentfamilie gehören

Internationales Aktenzeichen

PCT/EP 03/14876

Im Recherchenbericht angeführtes Patentdokument		Datum der Veröffentlichung	Mitglied(er) der Patentfamilie	Datum der Veröffentlichung
EP 0735137	A	02-10-1996	AU 702584 B2	25-02-1999
			AU 1281195 A	17-07-1995
			CA 2180024 A1	06-07-1995
			EP 0735137 A1	02-10-1996
			FI 962633 A	23-08-1996
			JP 3375639 B2	10-02-2003
			KR 231454 B1	01-12-1999
			NO 962689 A	27-08-1996
			US 5811273 A	22-09-1998
			EP 1203818 A2	08-05-2002
			WO 9518220 A1	06-07-1995
			US 5972690 A	26-10-1999
			US 6150130 A	21-11-2000
WO 9907867	A	18-02-1999	US 6429356 B1	06-08-2002
			AU 747542 B2	16-05-2002
			AU 8900298 A	01-03-1999
			CA 2299631 A1	18-02-1999
			CN 1275166 T	29-11-2000
			EP 1002117 A1	24-05-2000
			JP 2001512688 T	28-08-2001
			US 2002092039 A1	11-07-2002
			WO 9907867 A1	18-02-1999
WO 9961652	A	02-12-1999	AU 4184699 A	13-12-1999
			BR 9917159 A	17-12-2002
			CA 2333281 A1	02-12-1999
			EP 1185682 A1	13-03-2002
			JP 2002516117 T	04-06-2002
			WO 9961652 A1	02-12-1999
			US 6551807 B1	22-04-2003
WO 03012056	A	13-02-2003	CA 2451142 A1	13-02-2003
			WO 03012056 A2	13-02-2003
			US 2003100045 A1	29-05-2003
WO 03080849	A	02-10-2003	US 2003196232 A1	16-10-2003
			US 2004003430 A1	01-01-2004
			WO 03080849 A2	02-10-2003
			WO 2004002214 A2	08-01-2004
			US 2004010826 A1	15-01-2004
			US 2004022881 A1	05-02-2004
WO 2004018693	A	04-03-2004	DE 10238980 A1	04-03-2004
			DE 10238978 A1	04-03-2004
			DE 10238979 A1	26-02-2004
			WO 2004018688 A1	04-03-2004
			WO 2004018693 A2	04-03-2004
			WO 2004018385 A2	04-03-2004
			WO 2004018694 A2	04-03-2004
			WO 2004018695 A2	04-03-2004
			WO 2004017749 A2	04-03-2004
			WO 2004022765 A2	18-03-2004
			WO 2004027069 A1	01-04-2004
WO 2004018694	A	04-03-2004	DE 10238980 A1	04-03-2004
			DE 10238978 A1	04-03-2004
			DE 10238979 A1	26-02-2004

# INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Angaben zu Veröffentlichungen, die zur selben Patentfamilie gehören

Internationales Akkordzeichen

PCT/EP 03/14876

Im Recherchenbericht angeführtes Patentdokument	Datum der Veröffentlichung	Mitglied(er) der Patentfamilie	Datum der Veröffentlichung
WO 2004018694 A		WO 2004018688 A1	04-03-2004
		WO 2004018693 A2	04-03-2004
		WO 2004018385 A2	04-03-2004
		WO 2004018694 A2	04-03-2004
		WO 2004018695 A2	04-03-2004
		WO 2004017749 A2	04-03-2004
		WO 2004022765 A2	18-03-2004
		WO 2004027069 A1	01-04-2004
DE 10238978 A	04-03-2004	DE 10238978 A1	04-03-2004
		WO 2004018693 A2	04-03-2004
		WO 2004018385 A2	04-03-2004
		WO 2004018694 A2	04-03-2004
		WO 2004018695 A2	04-03-2004
		WO 2004017749 A2	04-03-2004